

B26

⑬ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE  
INSTITUT NATIONAL  
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE  
PARIS

⑪ N° de publication : 2 806 095

(à n'utiliser que pour les  
commandes de reproduction)

⑳ N° d'enregistrement national : 00 03140

⑤① Int Cl<sup>7</sup> : C 12 N 15/29, C 12 N 15/63, 5/04, 5/10, A 01 H 5/00,  
C 07 K 14/415, 14/39

⑫

## DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

②② Date de dépôt : 10.03.00.

③③ Priorité :

④③ Date de mise à la disposition du public de la  
demande : 14.09.01 Bulletin 01/37.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de  
recherche préliminaire : *Se reporter à la fin du  
présent fascicule*

⑥⑥ Références à d'autres documents nationaux  
apparentés :

⑦① Demandeur(s) : GENTECH Société à responsabilité  
limitée — FR.

⑦② Inventeur(s) : BEJARANO EDUARDO R, CASTILLO  
GARRIGA ARACELI, COLINET DOMINIQUE,  
DONOSO CUENCA IMMACULDA, INIESTA JOSE  
REINA, GREVESSE CATHY et HERICOURT FRAN-  
COIS.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire(s) : BREESE MAJEROWICZ SIMONNOT.

⑤④ SEQUENCES POLYNUCLEOTIDIQUES PURIFIÉES DE PLANTES ET DE LEVURE CODANT POUR DES  
PROTEINES QUI INTERAGISSENT AVEC LES PRODUITS DU GÉNOME DES GEMINIVIRUS.

⑤⑦ La présente invention a pour objet des séquences po-  
lynucléotidiques purifiées de plante codant des protéines  
qui interagissent avec les produits du génome du géminivi-  
rus et leur utilisation pour la préparation de plantes généti-  
quement modifiées résistantes au géminivirus.

FR 2 806 095 - A1



SEQUENCES POLYNUCLEOTIDIQUES PURIFIEES DE  
PLANTES ET DE LEVURE CODANT POUR DES PROTEINES QUI  
INTERAGISSENT AVEC LES PRODUITS DU GENOME DES GEMINIVIRUS.

5                   La présente invention concerne des séquences  
polynucléotidiques purifiées de plantes et de levure codant  
pour des protéines qui interagissent avec les produits du  
génomme des géminivirus et qui sont susceptibles d'être  
nécessaires à l'infection des plantes par ce virus.  
10 L'invention concerne aussi la préparation de plantes  
génétiquement modifiées pour résister au géminivirus,  
famille des *Geminiviridae*, et plus particulièrement au  
virus de l'enroulement jaunissant des feuilles de la  
tomate, aussi désigné TYLCV pour « tomato yellow leaf curl  
15 virus ».

TYLCV appartient au genre *Begomovirus* et est  
transmis par la mouche blanche *Bemisia tabaci*. Les  
gémiviruses sont responsables de nombreuses maladies de la  
tomate et le TYLCV pose un problème économique grave  
20 puisqu'il entraîne jusqu'à 100 % de perte de rendement dans  
de nombreuses régions tropicales et subtropicales. Ce virus  
s'est maintenant répandu dans le bassin Méditerranéen, dont  
l'Italie et l'Espagne, où la perte de rendement au champ  
peut atteindre 80%, ainsi qu'en Amérique dont récemment la  
25 Floride où il menace l'industrie de la tomate. Les moyens  
de lutte contre la mouche blanche *Bemisia tabaci* ne se sont  
pour l'instant pas avérés efficaces.

On a proposé dans l'art antérieur des cultivars  
tolérants obtenus par amélioration classique et montrant  
30 des symptômes atténués ou retardés, mais pas de cultivars  
résistants. On a également proposé dans l'art antérieur des  
plantes transgéniques résistantes aux infections par les  
gémiviruses basées sur l'introduction et/ou l'expression  
dans les plantes de séquences virales. On peut citer  
35 notamment les constructions génétiques comprenant des gènes

de géminivirus proposées dans les demandes de brevet internationales PCT publiées sous les numéros WO97/42316 et WO97/39110.

5 L'introduction de séquences virales dans le génome de la tomate soulève cependant un certain nombre de problèmes notamment du fait des risques de recombinaison ou d'hétéroencapsidation.

10 La présente invention vise précisément à pallier cet inconvénient en proposant des gènes de plantes dont les produits interagissent avec une ou plusieurs protéines du TYLCV. Ces gènes sont donc particulièrement utiles pour contrôler l'infection virale chez une plante sans y introduire de gènes viraux.

15 Cela fait un siècle que les virus ont été reconnus pour la première fois comme des entités pathogènes. Depuis, des efforts considérables ont été entrepris pour comprendre leur biologie : comment ils pénètrent dans la cellule, et une fois à l'intérieur, comment ils exploitent les processus de l'hôte pour se répliquer et envahir l'organisme. Il est parfaitement établi maintenant que la réplication virale dans la cellule infectée nécessite la participation de facteurs cellulaires. C'est particulièrement le cas des virus possédant des petits génomes qui codent seulement pour quelques protéines. Les virus animaux à ADN associés aux tumeurs, par exemple, exploitent la machinerie cellulaire pour accomplir leurs processus de transcription et de réplication. De plus, une ou plusieurs protéines codées par ces virus sont capables d'empiéter sur la physiologie de la cellule infectée afin de créer un environnement cellulaire approprié à la réplication virale. Un exemple typique est celui des oncoprotéines de ces virus, comme l'antigène T du SV40, la protéine E1A des adénovirus ou la protéine E7 des virus du papillome humains, qui activent le cycle

20

25

30

35

cellulaire dans la cellule infectée en interférant avec la voie du rétinoblastome, une tumeur de l'oeil qui affecte les jeunes enfants.

La situation semble être analogue dans le cas des *Geminiviridae*, une famille unique de virus végétaux à ADN dont les particules se présentent sous la forme de deux sphéroïdes jumelés et dont le génome consiste en une ou deux petites molécules d'ADN monocaténaïres circulaires (Lazarowitz, 1992). Le TYLCV appartient au genre *Begomovirus* bien qu'il ne possède qu'un seul composant génomique (Kheyr-Pour & coll., 1991 ; Navot & coll., 1991).

La figure 1 en annexe représente le génome du TYLCV, lequel contient six phases ouvertes de lecture (ORF) qui se recouvrent partiellement (Kheyr-Pour & coll., 1991)

:

- deux sur le brin du virion (+), le gène de la capsid CP et un gène nécessaire au développement d'une infection systémique dans l'hôte, V2 (Wartig & coll., 1997), et

- quatre sur le brin complémentaire (-), le gène C1 (Rep) nécessaire à la réplication, le gène C2 considéré comme codant pour un activateur de transcription des gènes situés sur le brin (+) du virion (Noris & coll., 1996) et probablement impliqué dans le mouvement du virus (Wartig & coll., 1997), le gène C3 qui favorise l'accumulation d'ADN viral, et enfin le gène C4 qui intervient dans le mouvement du virus (Fig. 1) (Jupin & coll., 1994). Ces ORF sont séparés par une région intergénique (IR) de 300 nucléotides qui contient les éléments clés pour la réplication et la transcription du génome viral (Lazarowitz, 1992).

Pour comprendre les mécanismes moléculaires qui régissent les processus biologiques de la réplication et du mouvement des virus, il est nécessaire d'identifier, non seulement les acteurs de ces processus, mais aussi les

interactions qui les régulent. Par exemple, la réplication de l'ADN des gémivirus a lieu dans le noyau des cellules infectées et, en raison de l'absence d'enzymes de réplication codées par le génome viral, nécessite les fonctions de la phase S du cycle cellulaire. Or la majorité des cellules de la feuille d'une plante sont complètement différenciées et ont quitté le cycle de division cellulaire et il n'est plus possible d'y détecter les enzymes de réplication de l'ADN ou l'antigène de prolifération nucléaire de la cellule (PCNA) qui s'associe avec certaines polymérases d'ADN et favorise leur processivité. Lorsque les gémivirus infectent ces cellules différenciées, la protéine Rep induit l'expression de protéines cellulaires associées à la phase S du cycle cellulaire, telles que le PCNA (Nagar & coll., 1995). La protéine Rep des gémivirus est donc capable de réactiver la machinerie de réplication de l'hôte au profit de la réplication de l'ADN viral.

La dépendance des gémivirus envers les protéines de l'hôte est analogue à la situation des virus animaux à ADN associés aux tumeurs, comme le SV40. Celui-ci crée un environnement cellulaire favorable à la réplication de l'ADN viral grâce à l'interaction d'une oncoprotéine codée par le génome viral avec la protéine du rétinoblastome (Rb), intervenant dans la régulation des cycles cellulaires. La protéine Rep des gémivirus forme de la même manière un complexe stable avec une protéine Rb de plante (Xie & coll., 1995). La séquestration de la protéine Rb de l'hôte par la protéine Rep du virus confirme le rôle de cette dernière dans la régulation du cycle cellulaire de l'hôte. Plus récemment, d'autres facteurs cellulaires interagissant avec la protéine Rep des gémivirus, les protéines GRAB, ont été également identifiés (Xie & coll., 1999). Bien que la fonction de ces protéines GRAB n'ait pas encore été élucidée, ces résultats

illustrent l'importance et la complexité des interactions virus-hôte nécessaires à l'accomplissement du cycle viral.

Une observation particulièrement intéressante est que la surexpression de la protéine Rb ou des protéines GRAB dans la cellule végétale inhibe la réplication virale (Xie & coll., 1995, Xie & coll., 1999). L'identification des facteurs cellulaires qui interagissent avec le produit du génome viral ouvre donc de nouvelles opportunités de lutte contre les maladies virales.

Comme indiqué précédemment, la présente invention a pour objet des gènes de plantes et de levure dont les produits sont capables d'interagir avec une ou plusieurs protéines du TYLCV et qui sont donc particulièrement utiles pour développer de nouvelles stratégies pour rendre les plantes résistantes à l'infection virale.

En effet, les travaux réalisés dans le cadre de la présente invention ont permis d'identifier des protéines de la levure *Schizosaccharomyces pombe* et des plantes *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana benthamiana* et *Lycopersicon esculentum* qui interagissent avec l'une au moins des six protéines du génome du TYLCV : Rep, C2, C3, C4, CP et V2.

L'invention a donc pour objet une séquence polynucléotidique purifiée de plante ou de levure codant pour une protéine qui interagit avec l'un au moins des six produits du génome d'un géminivirus nécessaire à l'infection d'une plante par ce virus.

Des exemples de séquences polynucléotidiques utiles selon l'invention sont constituées par tout ou partie des gènes ou fragments de gènes rapportés dans le tableau de la figure 2 en annexe qui se réfère à la liste de séquences en annexe et aux numéros d'accès dans Genbank s'ils existent.

Une première série de séquences polynucléotidiques codant une protéine nécessaire à une ou plusieurs des six protéines du génome d'un géminivirus pour permettre l'infection virale, selon l'invention, sont constituées par tout ou partie d'un gène choisi dans le groupe comprenant les gènes *gip3-C2*, *gip6-C2*, *gip7-C3*, *gip8-C3*, *gip9-C3*, *gip11-C3*, *gip12-C4*, *gip14-CP*, *gip15-CP*, *gip16-V2*, *gip18-V2*, *gip19-V2*, *gip21-V2* et *gip22-V2*.

Le fragment de gène *gip3-C2* de *A. thaliana* code pour la protéine GIP3-C2 qui interagit avec la protéine C2 du TYLCV. SEQ ID NO:5 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip3-C2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:6 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP3-C2.

Le fragment de gène *gip6-C2* de *N. benthamiana* code pour la protéine GIP6-C2 qui interagit avec la protéine C2 du TYLCV. La SEQ ID NO:11 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip6-C2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:12 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP6-C2.

Le gène *gip7-C3* de *L. esculentum* code pour la protéine PCNA-tom qui interagit avec la protéine C3 du TYLCV. SEQ ID NO:13 représente une séquence nucléotidique de *L. esculentum* comprenant la partie codante du gène *gip7-C3* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:14 représente la séquence en acides aminés de la protéine PCNA-tom de *L. esculentum*.

Le fragment de gène *gip8-C3* code pour la protéine PCNA-ara de *A. thaliana* qui interagit avec la protéine C3 du TYLCV. SEQ ID NO:15 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *gip8-C3* suivie de la portion 3' non codante. La SEQ

ID NO:16 représente la séquence en acides aminés de la protéine PCNA-ara de *A. thaliana*.

Le fragment de gène *gip9-C3* de *A. thaliana* code pour un fragment de la sous-unité delta du coatomer qui interagit avec la protéine C3 du TYLCV. SEQ ID NO:17 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip9-C3* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:18 représente la séquence en acides aminés du fragment de la sous-unité delta du coatomer de *A. thaliana*.

Le fragment de gène *gip11-C3* de *N. benthamiana* code pour le fragment de protéine DNAJ qui interagit avec la protéine C3 du TYLCV. SEQ ID NO:21 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip11-C3* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:22 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine DNAJ de *N. benthamiana*.

Le fragment de gène *gip12-C4* de *A. thaliana* code pour le fragment de protéine GIP12-C4 qui interagit avec la protéine C4 du TYLCV. SEQ ID NO:23 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip12-C4* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:24 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP12-C4 de *A. thaliana*.

Le fragment de gène *gip14-CP* de *N. benthamiana* code pour le fragment de protéine 14-3-3 qui interagit avec la protéine CP du TYLCV. SEQ ID NO:27 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip14-CP* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:28 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine 14-3-3 de *N. benthamiana*.



Le fragment de gène *gip15-CP* de *N. benthamiana* code pour la protéine GIP15-CP qui interagit avec la protéine CP du TYLCV. SEQ ID NO:29 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie  
5 codante du fragment de gène *gip15-CP* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:30 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP15-CP de *N. benthamiana*.

Le fragment de gène *gip16-V2* de *N. benthamiana* code pour la protéine GIP16-V2 qui interagit avec la  
10 protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:31 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip16-V2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:32 représente la séquence en  
15 acides aminés du fragment de protéine GIP16-V2 de *N. benthamiana*.

Le fragment de gène *gip18-V2* de *A. thaliana* code pour le fragment de protéine GIP18-V2 qui interagit avec la protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:35 représente une  
20 séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip18-V2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:36 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP18-V2 de *A. thaliana*.

Le fragment de gène *gip19-V2* de *A. thaliana* code pour le fragment de protéine GIP19-V2 qui interagit avec la protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:37 représente une  
25 séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip19-V2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:38 représente la séquence en  
30 acides aminés du fragment de protéine GIP19-V2 de *A. thaliana*.

Le fragment de gène *gip21-V2* *N. benthamiana* code pour la protéine GIP21-V2 qui interagit avec le  
35 fragment de protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:41 représente

une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip21-V2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:42 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP21-V2 *N. benthamiana*.

Le fragment de gène *gip22-V2 N. benthamiana* code pour le fragment de protéine GIP22-V2 qui interagit avec la protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:43 représente une séquence nucléotidique de *N. benthamiana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip22-V2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:44 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine GIP22-V2 *N. benthamiana*.

Il convient de remarquer qu'en ce qui concerne les gènes *gip3-C2*, *gip9-C3*, *gip16-V2* et *gip19-V2*, les séquences des chromosomes contenant la séquence de ces gènes, interrompus par des introns, se trouvent dans les bases de données (respectivement AB005240, AB005245, AB007651, AC026636 comme indiqué dans le tableau de la figure 2). En conséquence, les travaux réalisés dans le cadre de la présente invention ont permis de définir les ORF de ces gènes qui n'ont donc jamais été décrits dans l'art antérieur.

De même, en ce qui concerne le gène *gip18-V2*, la séquence du chromosome contenant la séquence de ce gène se trouve dans les bases de données (AC003027 comme indiqué dans le tableau de la figure 2). Cependant, la prédiction des ORF décrit dans l'art antérieur présente des inexactitudes et la séquence du gène *gip18-V2* est différente de la séquence du gène prédit car certaines parties de la séquence sont considérées comme étant des introns alors qu'elles n'en sont pas.

La présente invention a donc pour objet une séquence polynucléotidique purifiée de plante codant une protéine dont la séquence en acides aminés est choisie dans

le groupe comprenant les séquences en acides aminés représentées dans la liste de séquences en annexe sous les numéros SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:42 ou SEQ ID NO:44, un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celle-ci.

L'invention se rapporte donc tout particulièrement à une séquence polynucléotidique constituée de tout ou partie d'une séquence polynucléotidique choisie parmi celles représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:41 ou SEQ ID NO:43, une séquence complémentaire ou substantiellement similaire de celle-ci.

Les travaux de recherche réalisés dans le cadre de la présente invention ont également permis d'identifier des gènes qui bien que déjà décrits dans l'art antérieur, n'avaient jamais été envisagés comme susceptibles de coder pour des protéines capables d'interagir avec les protéines des gémiovirus et donc utiles pour rendre des plantes résistantes à ces virus. Une seconde série de séquences polynucléotidiques utiles selon l'invention sont constituées par tout ou partie d'un gène choisi dans le groupe comprenant les gènes SY 0487 (N° accession Genbank D89128), T8K22.14 (N° accession Genbank AC004136), ajh1 (N° accession Genbank AF087413), T26F17.15 (N° accession Genbank AC013482), F9L1.33 (N° accession Genbank AC007591), F6H11.170 (N° accession Genbank AL021684), F2103.7 (N° accession Genbank AC003027), et Cs26 (N° accession Genbank AB003041).

Le gène *SY 0487* de *S. pombe* code pour la protéine similaire à la NDP-hexose pyrophosphorylase de *S. cerevisiae* qui interagit avec la protéine Rep du TYLCV. SEQ ID NO:1 représente une séquence nucléotidique de *S. pombe* comprenant la partie codante du gène *SY 0487*. SEQ ID NO:2 représente la séquence en acides aminés de la protéine de *S. pombe* similaire à la NDP-hexose pyrophosphorylase de *S. cerevisiae*.

Le gène *T8K22.14* code pour la protéine putative de liaison au TBP qui interagit avec la protéine C2 du TYLCV. SEQ ID NO:3 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *T8K22.14* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:4 représente la séquence en acides aminés de la protéine putative de liaison au TBP.

Le gène *ajh1* code pour la protéine AJH1 qui interagit avec la protéine C2 du TYLCV. SEQ ID NO:7 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *ajh1* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:8 représente la séquence en acides aminés de la protéine AJH1.

Le fragment de gène *T26F17.15* de *A. thaliana* code pour la protéine T26F17.15 qui interagit avec la protéine C2 du TYLCV. SEQ ID NO:9 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du fragment de gène *gip5-C2* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:10 représente la séquence en acides aminés du fragment de protéine T26F17.15.

Le gène *F9L1.33* code pour la protéine de la famille des glyoxalases qui interagit avec la protéine C3 du TYLCV. SEQ ID NO:19 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *F9L1.33* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:20 représente la séquence en acides aminés de la protéine de la famille des glyoxalases.

Le gène *F6H11.170* code pour la protéine de type récepteur kinase qui interagit avec la protéine C4 du TYLCV. SEQ ID NO:25 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *F6H11.170* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:26 représente la séquence en acides aminés de la protéine de type récepteur kinase.

Le gène *F2103.7* code pour la protéine hypothétique qui interagit avec la protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:33 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *F2103.7* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:34 représente la séquence en acides aminés de la protéine hypothétique.

Le gène *Cs26* code pour la protéine o-acétylsérine (thiol) lyase qui interagit avec la protéine V2 du TYLCV. SEQ ID NO:39 représente une séquence nucléotidique de *A. thaliana* comprenant la partie codante du gène *Cs26* suivie de la portion 3' non codante. SEQ ID NO:40 représente la séquence en acides aminés de la protéine o-acétylsérine (thiol) lyase.

La présente invention a donc pour objet une séquence polynucléotidique purifiée de plante ou de levure codant une protéine dont la séquence en acides aminés est choisie dans le groupe comprenant les séquences en acides aminés représentées dans la liste de séquences en annexe sous les numéros SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:34 ou SEQ ID NO:40, un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celle-ci.

L'invention se rapporte donc tout particulièrement à une séquence polynucléotidique constituée de tout ou partie d'une séquence polynucléotidique choisie parmi celles représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:1,

SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:19, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:33 ou SEQ ID NO:39, une séquence complémentaire ou substantiellement similaire de celle-ci.

5                   On entend par « substantiellement similaire »  
d'une protéine ou d'un fragment de protéine, une séquence  
en acides aminés présentant une ou plusieurs modifications  
telles que la substitution, la délétion ou l'insertion d'un  
ou plusieurs acides aminés qui n'affectent pas les  
10 propriétés fonctionnelles de la protéine ou du fragment de  
protéine dont elle dérive.

                  On entend aussi par « substantiellement  
similaire » d'une séquence polynucléotidique selon  
l'invention, une séquence présentant une ou plusieurs  
15 modifications de nucléotides qui conduisent à la  
substitution d'un ou plusieurs acides aminés sans affecter  
les propriétés fonctionnelles de la protéine ou du fragment  
de protéine codée par la séquence polynucléotidique dont  
elle dérive. Les altérations d'un gène qui résultent dans  
20 l'expression d'un acide aminé chimiquement équivalent à un  
site donné, mais qui n'affectent pas les propriétés  
fonctionnelles de la protéine codée par le gène, sont bien  
connues par l'homme de métier. Par exemple, un codon codant  
pour l'acide aminé alanine, un acide aminé hydrophobe, peut  
25 être substitué par un codon codant pour un autre résidu  
moins hydrophobe, comme la glycine, ou un autre résidu plus  
hydrophobe, comme la valine, la leucine ou l'isoleucine.  
Pareillement, des modifications qui résultent dans la  
substitution d'un résidu négativement chargé par un autre,  
30 comme l'acide aspartique pour l'acide glutamique, ou un  
résidu positivement chargé par un autre, comme la lysine  
pour l'arginine, sont présumées produire une protéine  
fonctionnellement équivalente. En outre, l'homme de métier  
sait que les séquences polynucléotidiques objet de la  
35 présente invention peuvent également être définies par leur

capacité à s'hybrider, sous des conditions stringentes (0,1X SSC, 0,1% SDS, 65°C), avec les séquences de référence données dans la liste de séquences en annexe. De manière avantageuse, les séquences substantiellement similaires  
5 objets de la présente invention sont celles qui partagent au moins 80% d'identité avec les séquences de référence données dans la liste de séquences en annexe, de préférence au moins 90% d'identité, plus préférentiellement au moins 95% d'identité.

10 On entend aussi par « substantiellement similaire », une séquence polynucléotidique présentant une ou plusieurs modifications de nucléotides qui n'affectent en rien la capacité de la séquence polynucléotidique ainsi modifiée d'altérer l'expression de gènes par la technique  
15 des antisens ou de la co-expression. On entend aussi par séquence polynucléotidique de plante ou de levure modifiée, une séquence polynucléotidique antisens. Il est bien connu de l'homme de métier que la suppression par antisens ou la co-suppression de l'expression de gènes peut être réalisée  
20 en utilisant une séquence nucléotidique représentant seulement une portion de l'entièreté d'un gène codant, ainsi que par une séquence nucléotidique partageant moins de 100 % d'identité avec le gène dont l'expression doit être modifiée.

25 L'invention concerne également une molécule d'acide nucléique comprenant au moins une séquence polynucléotidique telle que définie ci-dessus. Il s'agit de molécules d'acide nucléique recombinant comprenant au moins  
30 une séquence polynucléotidique purifiée de plante ou de levure codant une protéine dont la séquence en acides aminés est choisie dans le groupe comprenant les séquences en acides aminés représentées dans la liste de séquences en annexe sous les numéros :

- SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:42 ou SEQ ID NO:44, ou

5                   - SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:34 ou SEQ ID NO:40,

un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celles-ci.

10                   Lesdites séquences polynucléotidiques purifiées de plante entrant dans la constitution des molécules d'acide nucléique de l'invention sont constituées de tout ou partie d'une séquence polynucléotidique choisie parmi celles représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros :

15                   - SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:41 ou SEQ ID NO:43, ou

20                   - SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:19, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:33 ou SEQ ID NO:39,

une séquence complémentaire ou substantiellement similaire de celles-ci.

25                   Des molécules d'acide nucléique recombinant selon l'invention sont notamment des gènes chimères ou des cassettes d'expression comprenant ladite séquence polynucléotidique placé sous le contrôle d'éléments de régulation en position 5' et/ou 3' de celle-ci pouvant  
30                   fonctionner dans un organisme hôte, en particulier dans les cellules végétales.

Des éléments de régulation en position 5' et 3' entrant dans la composition des molécules d'acide nucléique recombinant selon l'invention, dont l'utilisation est  
35                   fonction de l'organisme hôte sont bien connus de l'homme de



métier. Ils comprennent notamment des séquences promotrices, des activateurs de transcription, des séquences terminatrices, y compris des codons start et stop. Les moyens et méthodes pour identifier et sélectionner les éléments de régulation sont bien connus de l'homme de métier.

Comme séquence de régulation promotrice dans les plantes, on peut utiliser toute séquence promotrice d'un gène s'exprimant naturellement dans les plantes, par exemple un promoteur d'origine bactérienne, virale ou végétale tel que, par exemple, le promoteur 35S du virus de la mosaïque du chou-fleur (CaMV), ou un promoteur inductible par les pathogènes comme le PR-1a du tabac, tout promoteur convenable connu pouvant être utilisé.

Selon l'invention, on peut également utiliser, en association avec la séquence de régulation promotrice, d'autres séquences de régulation, qui sont situées entre le promoteur et la séquence codante, tels que des activateurs de transcription (« enhancer »), comme, par exemple, l'activateur du virus de la mosaïque du tabac (TMV) décrit dans le brevet US 5,891,665.

Comme séquence de régulation terminatrice ou de polyadénylation, on peut utiliser toute séquence correspondante d'origine bactérienne, comme, par exemple, le terminateur nos d'*Agrobacterium tumefaciens*, ou encore d'origine végétale, comme, par exemple, un terminateur d'histone tel que décrit dans le brevet EP 633 317.

La séquence polynucléotidique peut être également associée dans la molécule d'acide nucléique de l'invention à un marqueur de sélection adapté à l'organisme hôte transformé. De tels marqueurs de sélection sont bien connus de l'homme de métier. Il pourra s'agir d'un gène de résistance aux antibiotiques, ou encore un gène de tolérance aux herbicides pour les plantes. De tels gènes de

tolérance aux herbicides sont notamment décrits dans les brevets EP 115 673, EP 337 899, WO 96/38567 ou WO 97/04103.

La présente invention concerne également un vecteur de clonage ou d'expression pour la transformation d'un organisme hôte constituant ou contenant au moins une molécule d'acide nucléique recombinant défini ci-dessus. De tels vecteurs de transformation en fonction de l'organisme hôte à transformer sont bien connus de l'homme de métier et largement décrits dans la littérature. Les vecteurs selon l'invention peuvent être utilisés pour transformer tout type d'hôte cellulaire comme des organismes mono ou pluricellulaires, inférieurs ou supérieur, en particulier de cellules végétales ou de plantes. Pour la transformation des cellules végétales ou des plantes, il s'agira notamment d'un virus contenant ses propres éléments de réplication et d'expression. De manière préférentielle, le vecteur de transformation des cellules végétales ou des plantes selon l'invention est un plasmide.

Comme indiqué précédemment, les séquences polynucléotidiques de l'invention sont utiles pour préparer des plantes résistantes aux gémiovirus. En effet, ces séquences polynucléotidiques codent pour des protéines qui sont nécessaires aux six protéines du génome du gémiovirus pour infecter la plante. En conséquence, ces séquences polynucléotidiques permettent de préparer des acides nucléiques modifiés, qui une fois intégrés de manière stable dans le génome de la plante, vont s'opposer à l'interaction des protéines codées par les séquences polynucléotidiques de l'invention avec les six produits du génome du gémiovirus et ainsi empêcher la multiplication virale.

L'invention concerne donc une plante génétiquement modifiée résistante aux gémiovirus possédant de manière stable dans son génome au moins un acide

nucléique modifié comprenant ou constitué par une séquence polynucléotidique de l'invention codant une protéine nécessaire à une ou plusieurs des six protéines du génome qui est modifiée pour :

5                   - bloquer l'expression de ladite protéine de plante nécessaire à une ou plusieurs des six protéines du génome d'un géminivirus,

10                   - exprimer une protéine de plante modifiée, et dont la modification par rapport à la protéine naturelle modifie ou supprime l'interaction avec l'une au moins des six protéines virales.

L'invention est remarquable en ce qu'elle permet de préparer des plantes transgéniques :

15                   - soit, n'exprimant plus une protéine de plante nécessaire à une ou plusieurs des six protéines du génome d'un géminivirus pour permettre l'infection virale,

20                   - soit, exprimant une protéine de plante modifiée, et dont la modification par rapport à la protéine naturelle modifie ou supprime l'interaction avec l'une au moins des six protéines virale et empêche ainsi la multiplication du virus.

On entend par « protéine de plante modifiée », une protéine qui, par rapport à la protéine naturelle, est :

25                   - sur-exprimée grâce à un promoteur particulier ou du fait d'un nombre important de copies de la séquence polynucléotidique codant ladite protéine,

30                   - modifiée au niveau d'un ou plusieurs de ces acides aminés de façon à ce que même si l'interaction avec une protéine virale est conservée, la protéine modifiée n'est plus fonctionnelle pour l'infection virale ; avantageusement la protéine ainsi modifiée est sur-exprimée de façon à ce que ce soit la protéine modifiée qui interagisse avec la protéine virale plutôt que la protéine naturelle,

35

- modifiée au niveau d'un ou de plusieurs de ces acides aminés de façon à ce que l'interaction avec une protéine virale soit supprimée,

- tronquée, il s'agit alors d'un fragment de la protéine naturelle qui, même si l'interaction avec une protéine virale est conservée, n'est plus fonctionnelle pour l'infection virale ; avantageusement la protéine ainsi modifiée est sur-exprimée de façon à ce que ce soit la protéine modifiée qui interagisse avec la protéine virale plutôt que la protéine naturelle.

Des protéines de plantes modifiées sont exprimées dans une plante génétiquement modifiée selon l'invention grâce à la séquence polynucléotidique de plante modifiée par rapport à la séquence polynucléotidique naturelle. On entend ainsi par séquence polynucléotidique de plante modifiée, une séquence polynucléotidique qui, par rapport à la séquence polynucléotidique présente une ou plusieurs modifications de nucléotides ou bien est constitué par un fragment de la séquence polynucléotidique naturelle qui code pour une protéine modifiée.

L'invention envisage aussi à titre de séquence polynucléotidique de plante modifiée, de courtes fractions du gène que l'on veut altérer. Ces courtes fractions nucléotidiques sont utiles pour réaliser des interventions géniques sans apport de gène extérieur, par des techniques du type de la chiméraplastie, afin de réaliser une mutation très précise et efficace dans un gène. Ces séquences ont une structure particulière qui active leur intégration à la bonne place.

L'invention envisage aussi à titre de séquence polynucléotidique modifiée des séquences antisens capable de bloquer la transcription ou la traduction de la séquence polynucléotidique naturelle et donc l'expression des protéines de plante interagissant avec les six produits du génome du géminivirus.

Les exemples de séquences polynucléotidiques ou de protéines modifiées ci-dessus sont donnés à titre non limitatif, car l'homme du métier est capable de réaliser d'autres modifications à partir des séquences polynucléotidiques données ci-après permettant d'empêcher l'infection virale. L'homme du métier est capable à partir de techniques de biologie moléculaire décrites dans la littérature de préparer des plantes transgéniques et de tester leur résistance aux virus.

Ainsi, dans certains modes de réalisation avantageux de l'invention, la séquence polynucléotidique de plante modifiée est placée sous le contrôle d'un promoteur permanent ou inductible.

On entend par « plante » au sens de la présente invention tout organisme multicellulaire différencié capable de photosynthèse, en particulier monocotylédones ou dicotylédones, plus particulièrement des plantes de culture destinées ou non à l'alimentation animale ou humaine, comme la tomate, le maïs, le blé, le colza, le soja, le riz, la canne à sucre, la betterave, le coton, etc...

On entend par « plantes génétiquement modifiées » au sens de la présente invention, une plante transgénique obtenue par transformation, avec au moins une molécule d'acide nucléique comprenant une séquence polynucléotidique comme définie précédemment, ou la descendance d'une telle plante si cette dernière contient les dites molécules d'acide nucléique dans ses semences.

L'invention concerne aussi un procédé de préparation d'une plante transgénique résistante aux géminivirus consistant :

- à transformer une cellule végétale avec au moins un acide nucléique comprenant ou constitué par une séquence polynucléotidique modifiée définie ci-dessus,

- à régénérer une plante à partir de ladite cellule transformée.

Il existe plusieurs techniques de transformation et de régénération de plantes décrites dans la littérature, notamment dans les demandes de brevet ci-après auxquels l'homme du métier pourra se référer : US 4,459,355, US 4,536,475, US 5,464,763, US 5,177,010, US 5,187,073, EP 267 159, EP 604 662, EP 672 752, US 4,945,050, US 5,036,006, US 5,100,792, US 5,371,014, US 5,478,744, US 5,179,022, US 5,565,346, US 5,484,956, US 5,508,468, US 5,538,877, US 5,554,798, US 5,489,520, US 5,510,318, US 5,204,253, US 5,405,765, EP 442 174, EP 486 233, EP 486 234, EP 539 563, EP 674 725, WO91/02071 et WO95/06128.

On peut citer plus particulièrement les méthodes consistant à bombarder des cellules, des protoplastes ou des tissus avec des particules auxquelles sont accrochées les molécules d'acide nucléique. D'autres méthodes consistent à utiliser comme moyen de transfert dans la plante un plasmide Ti d'*A. tumefaciens* ou Ri d'*Agrobacterium rhizogenes* dans lequel est inséré une molécule d'acide nucléique recombinant. D'autres méthodes encore peuvent être utilisées, telles que la microinjection ou l'électroporation, ou encore la transformation au moyen de PEG. L'une ou l'autre de ces techniques peut être plus ou moins adaptée à la nature de l'organisme hôte, en particulier de la cellule végétale ou de la plante.

L'invention concerne également les plantes transformées issues de la culture et/ou du croisement des plantes régénérées ci-dessus, ainsi que les graines desdites plantes transformées résistantes aux maladies causées par les virus, préférentiellement résistantes aux maladies causées par les gémiovirus.

L'invention se rapporte donc aussi à une cellule végétale transformée dans le génome de laquelle est

incorporée de façon stable un acide nucléique modifié défini précédemment.

On entend plus particulièrement par « cellule végétale », toute cellule issue ou à l'origine d'une plante et pouvant constituer des tissus indifférenciés tels que des cals, des tissus différenciés tels que des embryons, des parties de plantes, ou des semences.

Les travaux réalisés dans le cadre de la présente invention ont donc permis d'identifier de nouveaux gènes codant pour des protéines susceptibles d'interagir avec l'une au moins des six protéines des génimivirus. Il s'agit comme indiqué précédemment des séquences constituées par tout ou partie d'un gène choisi dans le groupe comprenant les gènes *gip3-C2*, *gip6-C2*, *gip7-C3*, *gip8-C3*, *gip9-C3*, *gip11-C3*, *gip12-C4*, *gip14-CP*, *gip15-CP*, *gip16-V2*, *gip18-V2*, *gip19-V2*, *gip21-V2* et *gip22-V2*. L'invention s'intéresse plus particulièrement aux protéines ou fragments des protéines codées par ces gènes. L'invention a donc tout spécifiquement pour objet une protéine susceptible d'interagir avec l'une au moins des six protéines des génimivirus, caractérisée en ce qu'elle comprend ou est constituée par une séquence en acides aminés choisie parmi les séquences représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:42 ou SEQ ID NO:44, un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celles-ci.

D'autres avantages et caractéristiques de l'invention apparaîtront à la lecture des exemples ci-après concernant le gène *gip1-Rep* de *S. pombe* dont le produit

interagit avec la protéine Rep du TYLCV et son utilisation pour la transformation de tomate.

Exemple 1. Isolement du gène *gip1-Rep* de *S. pombe* dont le produit interagit avec la protéine Rep du TYLCV.

Grâce à la méthode du double-hybride en levure (Fields et Song, 1989 ), une banque de cDNA de *S. pombe* a été criblée avec la protéine Rep du TYLCV fusionnée au domaine de liaison à l'ADN de GAL4. Deux clones de levure, appelés GIP1-Rep.11 et GIP1-Rep.13, ont été capables de former des colonies sur milieu de sélection et ont donné lieu à un résultat positif lors de l'essai *LacZ*. L'analyse de la séquence de ces deux clones ont montré qu'ils étaient identiques à l'exception de l'extrémité 3' non-codante. Le gène *gip1-Rep*, contenu dans les deux clones GIP1-Rep.11 et GIP1-Rep.13, est un homologue du gène *PSA1* de la levure *Saccharomyces cerevisiae*. Ce gène semble être impliqué dans la régulation du cycle cellulaire chez *S. cerevisiae* (Benton & coll., 1996). L'expression du gène *PSA1* est à son maximum juste avant l'entrée dans la phase S du cycle cellulaire (Benton & coll., 1996).

Plusieurs délétions du gène *Rep* ont été construites et clonées dans le vecteur pAS2. Ces clones ont été utilisés pour tester la capacité des protéines *Rep* délétées à interagir avec la protéine GIP1-Rep. Ces analyses suggèrent que la région N-terminale de la protéine *Rep* est essentielle à l'interaction avec GIP1-Rep.

Une analyse de type Southern Blot montre que le gène *gip1-Rep* est présent en une seule copie chez *S. pombe*. Une analyse de type Northern Blot, réalisée sur une culture de cellules de *S. pombe* synchrones, montre que le niveau d'expression du gène *gip1-Rep* varie durant le cycle



cellulaire et est à son maximum durant la phase G1, qui précède la phase S du cycle cellulaire.

Exemple 2. Caractérisation génétique de *gip1*-

5     Rep.

10     Un fragment du gène *gip1*-Rep correspondant à la partie codante complète du gène a été clonée dans le vecteur d'expression pREP3x pour donner le plasmide pREP3x-Gip1. Ce plasmide a été construit pour surexprimer GIP1-Rep à l'aide d'un promoteur dont l'expression est régulée par la présence de thiamine dans le milieu. Des cellules sauvages ainsi que divers mutants du cycle cellulaire ont été transformées par le plasmide pREP3x-Gip1. Les cellules  
15     ont été étalées sur milieu minimum et contrôlées par microscopie électronique. Aucun effet de la surexpression du gène *gip1*-Rep n'a été observé.

20     Pour réaliser la disruption de gène, un fragment génomique contenant la partie codante du gène *gip1*-Rep a été utilisé. Ce fragment était encadré de deux sites de restriction PstI qui ont permis de le cloner dans pBS+ pour donner le plasmide pBIG4. Ce dernier a alors été digéré par EcoRV pour libérer la quasi totalité de la phase codante de *gip1*-Rep qui a été remplacée par un fragment  
25     contenant le gène *ura4* pour donner le plasmide pBIG45. Le gène *ura4* se trouve donc encadré à ses extrémités 5' et 3' de, respectivement, 1380 et 570 nucléotides de la séquence génomique du gène *gip1*-Rep. Une culture d'une souche diploïde de *S. pombe* auxotrophe pour l'uracile et la  
30     leucine a été transformée avec le fragment de restriction PstI obtenu à partir du plasmide pBIG45 et étalée sur milieu permettant de sélectionner les colonies *ura+*. Trois colonies indépendantes ont été sélectionnées et leur sporulation a été induite. L'analyse des tétrades réalisée  
35     sur un des diploïdes a montré que seulement deux spores de

la tétrade sont viables. Ces spores ne contiennent pas le gène *ura4* car elles sont *ura-*. Comme pour le gène *PAS1* de *S. cerevisiae* (Benton & coll. ,1996), la disruption du gène *gip1-Rep* chez *S. pombe* s'est donc avérée létale. Ces résultats indiquent que *gip1-Rep* est un gène essentiel.

Pour obtenir un mutant conditionnel, les cellules diploïdes contenant la disruption de *gip1-Rep* ont été transformées avec le plasmide pREP3x-Gip1, porteur du marqueur leucine, et les colonies *leu+* ont été sélectionnées. La sporulation a été induite chez certaines de ces colonies et les spores ont été étalées sur milieu minimum contenant de l'adénine et de l'uracile. Le phénotype des colonies haploïdes a ensuite été analysé. Toutes les colonies étaient *leu+* et environ la moitié étaient *ura+* indiquant que la disruption de *gip1-Rep* était complémentée par l'expression de *gip1-Rep* depuis le plasmide. Ce résultat a été confirmé en étalant ces cellules sur un milieu avec de la thiamine pour réprimer l'expression de *gip1-Rep*. Dans ces conditions, les cellules étaient incapables de croître. L'analyse de la culture au microscope a révélé que la plupart des cellules avaient deux noyaux séparés par un septum. Ceci indique que le gène *gip1-Rep* est essentiel à une étape particulière du cycle cellulaire.

### Exemple 3. Création d'un vecteur d'*A. tumefaciens* contenant la construction du gène codant pour *GIP1-Rep*.

Le gène *gip1-Rep* contenu dans le plasmide pACTgip1-Rep est amplifié par PCR. Le fragment d'ADN amplifié est purifié après électrophorèse sur gel d'agarose, il est ensuite digéré par *SalI* et *KpnI* et lié dans le plasmide pJC2EN2 digéré par les mêmes enzymes. On obtient ainsi le vecteur pJC2EN2gip1-Rep contenant la

séquence codant pour GIP1-Rep entourée du promoteur 35S du CaMV et du terminateur OCS. Le fragment d'ADN contenant la cassette d'expression de GIP1-Rep est libéré du vecteur par les enzymes de restriction *HindIII* et *XbaI* et purifié. Il est ensuite lié au vecteur pBINPLUS (van Engelen & coll., 1995) digéré par les mêmes enzymes. On obtient ainsi un vecteur d'*A. tumefaciens*, pBINPLUSgip1-Rep, contenant la séquence codant pour GIP1-Rep qui conduit à l'expression de cette protéine dans la plante.

#### Exemple 4. Transformation génétique de la tomate.

Le vecteur pBINPLUSgip1-Rep est introduit dans la souche d'*A. tumefaciens* LBA4404 (Hoekema & coll., 1983). La technique de transformation est basée sur la procédure de McCormick & coll. (1986) d'une part et celle de Fillati & coll. (1987) d'autre part.

La régénération de la tomate à partir d'explants foliaires est réalisée sur un milieu de base Murashige et Skoog (MS) comprenant 30 g/l de saccharose ainsi que 500 mg/l de carbenicilline et 75 mg/ml de kanamycine. Lorsque les bourgeons sont bien développés, ils sont mis sur un milieu permettant l'enracinement. Bien enracinées, les plantes sont acclimatées en serre. Les preuves moléculaires de l'intégration de la cassette d'expression de GIP1-Rep sont apportées par les techniques d'hybridation moléculaire de type Southern et Northern, ainsi que par PCR. Toutes les plantes transformées sont ensuite employées dans diverses expérimentations pour vérifier si l'expression de GIP1-Rep les rend résistantes aux agressions virales. Les plantes transformées, ainsi que des plantes-contrôle non transformées, sont, par exemple, infectées avec le virus TYLCV par agroinoculation. Le développement de symptômes et la présence d'ADN viral sont ensuite analysés.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- 5      - Benton & coll. (1996) Curr. Genet. 29, 106-113.
- Fields et Song (1989) Nature 340, 245-246.
- Fillati & coll. (1987) Bio/Technology 5, 726-730.
- Hoekema & coll. (1983) Nature 303, 179-180.
- Jonsson et Hubscher (1997) BioEssays 19, 967-975
- 10     - Jupin & coll. (1994) Virology 204, 82-90.
- Kelman, Z. (1997) Oncogene 14, 629-640
- Kheyr-Pour & coll. (1991) Nuc. Acids Res. 19, 6763-6769.
- Lazarowitz, S (1992) Crit. Rev. Plant Sci., 11, 327-349.
- McCormick & coll. (1986) Plant Cell Rep. 5, 81-84.
- 15     - Nagar & coll. (1995) Plant Cell 7, 705-719.
- Navot & coll. (1991) Virology 185, 151-161.
- Noris & coll. (1996) Virology 217, 607-612.
- van Engelen & coll. (1995) Transgenic Res. 4, 288-290.
- Wartig & coll. (1997) Virology 228, 132-140.
- 20     - Xie & coll. (1995) EMBO J. 14, 4073-4082.
- Xie & coll. (1999) Plant Mol. Bio. 39, 647-656.

## REVENDICATIONS

5           1) Une séquence polynucléotidique purifiée de plante ou de levure codant pour une protéine qui interagit avec l'un au moins des six produits du génome d'un géminivirus nécessaire à l'infection d'une plante par ce virus.

10           2) Une séquence polynucléotidique selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle code une protéine dont la séquence en acides aminés est choisie dans le groupe comprenant les séquences en acides aminés représentées dans la liste de séquences en annexe sous les  
15           numéros SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:42 ou SEQ ID NO:44, un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celle-ci.

20           3) Une séquence polynucléotidique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est constituée de tout ou partie d'une séquence polynucléotidique choisie parmi celles représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:11, SEQ ID  
25           NO:13, SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:41 ou SEQ ID NO:43, une séquence complémentaire ou substantiellement similaire de celle-ci.

30           4) Une séquence polynucléotidique selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle code une protéine dont la séquence en acides aminés est choisie dans le groupe comprenant les séquences en acides aminés  
35           représentées dans la liste de séquences en annexe sous les numéros SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:8, SEQ ID

NO:10, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:34 ou SEQ ID NO:40, un fragment ou une séquence substantiellement similaire de celle-ci.

5                    5) Une séquence polynucléotidique selon la revendication 4, caractérisée en ce qu'elle est constituée de tout ou partie d'une séquence polynucléotidique choisie parmi celles représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:3, SEQ ID  
10 NO:7, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:19, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:33 ou SEQ ID NO:39, une séquence complémentaire ou substantiellement similaire de celle-ci.

15                    6) Molécule d'acide nucléique recombinant, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins une séquence polynucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 5.

20                    7) Molécule d'acide nucléique recombinant selon la revendication 6, caractérisée en ce que ladite séquence polynucléotidique est placée sous le contrôle d'éléments de régulation en position 5' et/ou 3' de celle-ci pouvant fonctionner dans un organisme hôte.

25                    8) Molécule d'acide nucléique recombinant selon l'une des revendications 6 ou 7, caractérisée en ce que ladite séquence polynucléotidique est associée dans la molécule d'acide nucléique recombinant à un marqueur de sélection.

30                    9) Vecteur de clonage ou d'expression pour la transformation d'un organisme hôte constituant ou contenant au moins une molécule d'acide nucléique recombinant selon l'une quelconque des revendications 6 à 8.

35

10) Un hôte cellulaire transformé par une molécule d'acide nucléique selon l'une des revendications 6 à 8 ou par un vecteur selon la revendication 9.

5 11) Une plante génétiquement modifiée résistante aux gémivirus possédant de manière stable dans son génome au moins un acide nucléique modifié comprenant ou constitué par une séquence polynucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 qui est modifiée pour :

10 - bloquer l'expression de ladite protéine de plante nécessaire à une ou plusieurs des six protéines du génome d'un gémivirus, ou

15 - exprimer une protéine de plante modifiée, et dont la modification par rapport à ladite protéine modifie ou supprime l'interaction avec l'une au moins des six protéines virales.

20 12) Une plante génétiquement modifiée résistante aux gémivirus selon la revendication 11, caractérisée en ce que la protéine de plante modifiée est une protéine définie dans l'une des revendications 1 à 5 qui est :

25 - sur-exprimée,  
- modifiée au niveau d'un ou plusieurs de ces acides aminés de façon à ce que même si l'interaction avec une protéine virale est conservée, la protéine modifiée n'est plus fonctionnelle pour l'infection virale,

30 - tronquée sous la forme d'un fragment de ladite protéine qui, même si l'interaction avec une protéine virale est conservée, n'est plus fonctionnelle pour l'infection virale.

- modifiée au niveau d'un ou plusieurs de ces acides aminés de façon à ce que l'interaction avec une protéine virale soit supprimée,

13) Une plante génétiquement modifiée résistante aux gémiviruses selon la revendication 12, caractérisée en ce que ladite séquence polynucléotidique modifiée est placée sous le contrôle d'un promoteur permanent ou inductible.

14) Une plante génétiquement modifiée résistante aux gémiviruses selon la revendication 11, caractérisée en ce que ladite séquence polynucléotidique modifiée est une séquence antisens capable de bloquer la transcription ou la traduction d'une séquence polynucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 5.

15) Procédé de préparation d'une plante transgénique résistante aux gémiviruses, caractérisé en ce qu'il comporte les étapes consistant :

- à transformer une cellule végétale avec au moins un acide nucléique modifié défini dans l'une des revendications 11 à 14,

- à régénérer une plante à partir de ladite cellule transformée.

16) Une cellule de plante dans le génome de laquelle est incorporée de façon stable un acide nucléique modifié défini dans l'une des revendications 11 à 14.

17) Une protéine susceptible d'interagir avec l'une au moins des six protéines des gémiviruses, caractérisée en ce qu'elle comprend ou est constituée par une séquence en acides aminés choisie parmi les séquences représentées dans la liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:36, SEQ ID

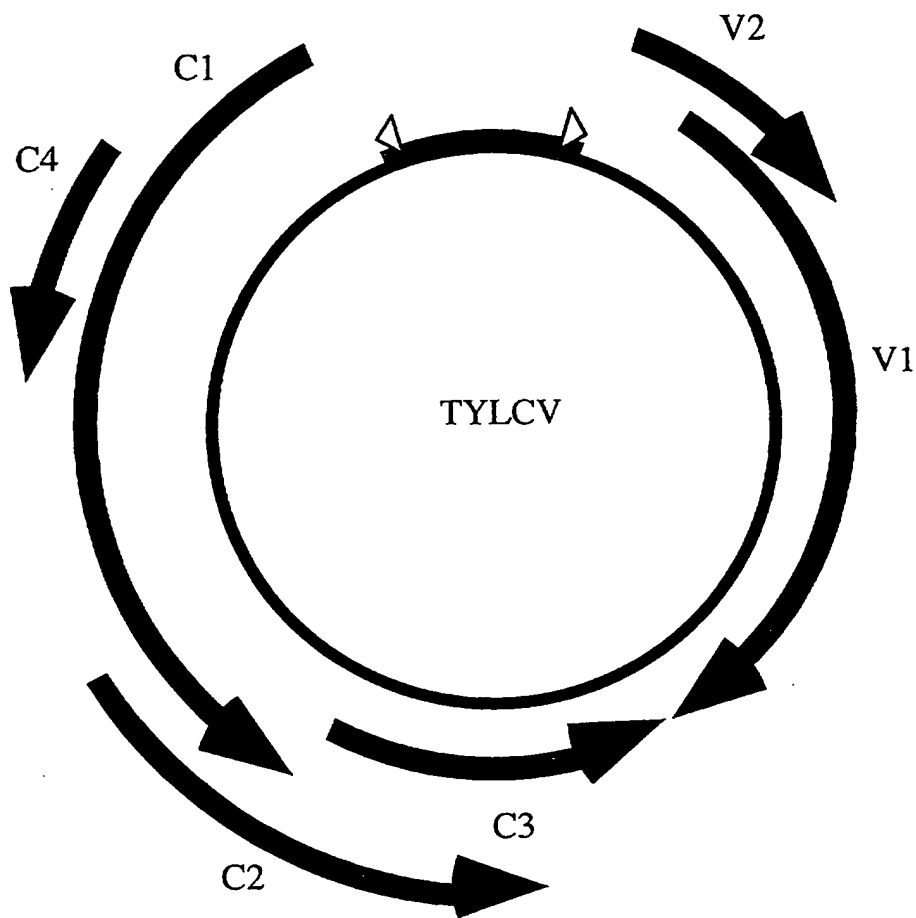


NO:38, SEQ ID NO:42 ou SEQ ID NO:44, un fragment ou une  
séquence substantiellement similaire de celles-ci.

Figure 1

Clone	Organisme	Gène	SEQ ID N°	Protéine	SEQ ID N°
GIP1-Rep	<i>S. pombe</i>	SY 0487	1	Protéine similaire à la NDP-hexose pyrophosphorylase de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	2
GIP2-C2	<i>A. thaliana</i>	T8K22.14	3	Protéine putative d'interaction au TBP	4
GIP3-C2	<i>A. thaliana</i>	<i>gip3-C2</i>	5	GIP3-C2	6
GIP4-C2	<i>A. thaliana</i>	<i>ajh1</i>	7	AJH1	8
GIP5-C2	<i>A. thaliana</i>	T26F17.15	9	T26F17.15	10
GIP6-C2	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip6-C2</i>	11	GIP6-C2	12
GIP7-C3	<i>L. esculentum</i>	<i>gip7-C3</i>	13	PCNA-tom	14
GIP8-C3	<i>A. thaliana</i>	<i>gip8-C3</i>	15	PCNA-ara	16
GIP9-C3	<i>A. thaliana</i>	<i>gip9-C3</i>	17	Sous-unité delta du coatomer	18
GIP10-C3	<i>A. thaliana</i>	F9L1.33	19	Protéine de la famille des glyoxalases	20
GIP11-C3	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip11-C3</i>	21	DNAJ	22
GIP12-C4	<i>A. thaliana</i>	<i>gip12-C4</i>	23	GIP12-C4	24
GIP13-C4	<i>A. thaliana</i>	F6H11.170	25	Protéine de type récepteur kinase	26
GIP14-CP	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip14-CP</i>	27	14-3-3	28
GIP15-CP	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip15-CP</i>	29	GIP15-CP	30
GIP16-V2	<i>A. thaliana</i>	<i>gip16-V2</i>	31	GIP16-V2	32
GIP17-V2	<i>A. thaliana</i>	F21O3.7	33	Protéine hypothétique	34
GIP18-V2	<i>A. thaliana</i>	<i>gip18-V2</i>	35	GIP18-V2	36
GIP19-V2	<i>A. thaliana</i>	<i>gip19-V2</i>	37	GIP19-V2	38
GIP20-V2	<i>A. thaliana</i>	Cs26	39	o-acetylserine (thiol) lyase	40
GIP21-V2	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip21-V2</i>	41	GIP21-V2	42
GIP22-V2	<i>N. benthamiana</i>	<i>gip22-V2</i>	43	GIP22-V2	44

2/2

**Figure 2**

## LISTE DE SEQUENCES

&lt;110&gt; GENTECH

<120> GENES DE PLANTE ET DE LEVURE DONT LES PRODUITS  
INTERAGISSENT AVEC LE TYLCV

&lt;130&gt; GENTECH-BREVET1

&lt;140&gt;

&lt;141&gt;

&lt;160&gt; 44

&lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1092

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Schizosaccharomyces pombe

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1089)

&lt;400&gt; 1

atg aag gct ctg att ctc gtg ggt ggc ttt ggt act cgt ctt cgt cct	48
Met Lys Ala Leu Ile Leu Val Gly Gly Phe Gly Thr Arg Leu Arg Pro	
1 5 10 15	
ttg act tta act ttg ccc aag cct ctt gtt gaa ttt ggt aac aag ccg	96
Leu Thr Leu Thr Leu Pro Lys Pro Leu Val Glu Phe Gly Asn Lys Pro	
20 25 30	
atg atc ctt cac caa gtc gaa gct ttg gca gct gct ggt gtc acg gat	144
Met Ile Leu His Gln Val Glu Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Thr Asp	
35 40 45	
atc gtc ttg gct gtt aat tac cgt ccc gaa atc atg gta gaa gct ttg	192
Ile Val Leu Ala Val Asn Tyr Arg Pro Glu Ile Met Val Glu Ala Leu	
50 55 60	
aaa aaa tac gaa aag gag tat aac gtt aat att act ttc tcc gtt gag	240
Lys Lys Tyr Glu Lys Glu Tyr Asn Val Asn Ile Thr Phe Ser Val Glu	
65 70 75 80	
aat gag cct ttg gga acc gct gga cct ttg gct ctt gct cgt gac att	288
Asn Glu Pro Leu Gly Thr Ala Gly Pro Leu Ala Leu Ala Arg Asp Ile	
85 90 95	
ctt gct aaa gac cac tct cct ttc ttc gtc ttg aat agt gat gtt att	336
Leu Ala Lys Asp His Ser Pro Phe Phe Val Leu Asn Ser Asp Val Ile	
100 105 110	
tgt gag tat cct ttc gcg gat ttg gca gct ttc cat aag gct cat ggt	384
Cys Glu Tyr Pro Phe Ala Asp Leu Ala Ala Phe His Lys Ala His Gly	
115 120 125	
gcc gag ggt act atc gtt gtt acc aag gtt gag gag cct tct aag tat	432
Ala Glu Gly Thr Ile Val Val Thr Lys Val Glu Glu Pro Ser Lys Tyr	
130 135 140	

ggt gtt gtc gtt cat tat ccc aac tca gaa tcc ttg att gag cgc ttt 480  
 Gly Val Val Val His Tyr Pro Asn Ser Glu Ser Leu Ile Glu Arg Phe  
 145 150 155 160

gtt gaa aag cct gtt gag ttt gta tcc aac aga att aat ggt ggt att 528  
 Val Glu Lys Pro Val Glu Phe Val Ser Asn Arg Ile Asn Gly Gly Ile  
 165 170 175

tac att cta aac cct tcc gtt ctt gac cgt att gaa cct cgt cct acc 576  
 Tyr Ile Leu Asn Pro Ser Val Leu Asp Arg Ile Glu Pro Arg Pro Thr  
 180 185 190

tcg att gaa aag gaa gtc ttt ccc gcc atg gtc aat gac aag caa tta 624  
 Ser Ile Glu Lys Glu Val Phe Pro Ala Met Val Asn Asp Lys Gln Leu  
 195 200 205

cac tct ttc gac ctt gag ggt tat tgg atg gat gtt ggt caa ccc aag 672  
 His Ser Phe Asp Leu Glu Gly Tyr Trp Met Asp Val Gly Gln Pro Lys  
 210 215 220

gat tat ctt acc ggt act tgt ttg tat tta tcc tcc ttg cgt aag cat 720  
 Asp Tyr Leu Thr Gly Thr Cys Leu Tyr Leu Ser Ser Leu Arg Lys His  
 225 230 235 240

aag cct gaa atc ttg gcc cca gct agt agc aat atc atc ggt aat gtg 768  
 Lys Pro Glu Ile Leu Ala Pro Ala Ser Ser Asn Ile Ile Gly Asn Val  
 245 250 255

ttg att gat ccc tca gca acc att ggc aaa aat tgt aaa att ggt ccc 816  
 Leu Ile Asp Pro Ser Ala Thr Ile Gly Lys Asn Cys Lys Ile Gly Pro  
 260 265 270

aat gtt gtg att ggt ccc aac gta acg att ggt gat ggt gtt cgt ctc 864  
 Asn Val Val Ile Gly Pro Asn Val Thr Ile Gly Asp Gly Val Arg Leu  
 275 280 285

caa cgt tgt gcc att ctt aag tct tct cgc gtt cgc gac cat gcc tgg 912  
 Gln Arg Cys Ala Ile Leu Lys Ser Ser Arg Val Arg Asp His Ala Trp  
 290 295 300

gtt aaa tcg agt att gta gga tgg aac tct acc ctt gga tct tgg agt 960  
 Val Lys Ser Ser Ile Val Gly Trp Asn Ser Thr Leu Gly Ser Trp Ser  
 305 310 315 320

cgt ttg gaa aac gtg tcc gtc tta ggc gac gat gtc gtt gtc aat gac 1008  
 Arg Leu Glu Asn Val Ser Val Leu Gly Asp Asp Val Val Val Asn Asp  
 325 330 335

gag att tac gta aat ggt ggc agt att tta ccc cat aag agc att agt 1056  
 Glu Ile Tyr Val Asn Gly Gly Ser Ile Leu Pro His Lys Ser Ile Ser  
 340 345 350

gct aac att gag gtt cct ggt act att gtc atg taa 1092  
 Ala Asn Ile Glu Val Pro Gly Thr Ile Val Met  
 355 360

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 363

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Schizosaccharomyces pombe

&lt;400&gt; 2

Met Lys Ala Leu Ile Leu Val Gly Gly Phe Gly Thr Arg Leu Arg Pro  
 1 5 10 15

Leu Thr Leu Thr Leu Pro Lys Pro Leu Val Glu Phe Gly Asn Lys Pro  
 20 25 30

Met. Ile Leu His Gln Val Glu Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Thr Asp  
 35 40 45

Ile Val Leu Ala Val Asn Tyr Arg Pro Glu Ile Met Val Glu Ala Leu  
 50 55 60

Lys Lys Tyr Glu Lys Glu Tyr Asn Val Asn Ile Thr Phe Ser Val Glu  
 65 70 75 80

Asn Glu Pro Leu Gly Thr Ala Gly Pro Leu Ala Leu Ala Arg Asp Ile  
 85 90 95

Leu Ala Lys Asp His Ser Pro Phe Phe Val Leu Asn Ser Asp Val Ile  
 100 105 110

Cys Glu Tyr Pro Phe Ala Asp Leu Ala Ala Phe His Lys Ala His Gly  
 115 120 125

Ala Glu Gly Thr Ile Val Val Thr Lys Val Glu Glu Pro Ser Lys Tyr  
 130 135 140

Gly Val Val Val His Tyr Pro Asn Ser Glu Ser Leu Ile Glu Arg Phe  
 145 150 155 160

Val Glu Lys Pro Val Glu Phe Val Ser Asn Arg Ile Asn Gly Gly Ile  
 165 170 175

Tyr Ile Leu Asn Pro Ser Val Leu Asp Arg Ile Glu Pro Arg Pro Thr  
 180 185 190

Ser Ile Glu Lys Glu Val Phe Pro Ala Met Val Asn Asp Lys Gln Leu  
 195 200 205

His Ser Phe Asp Leu Glu Gly Tyr Trp Met Asp Val Gly Gln Pro Lys  
 210 215 220

Asp Tyr Leu Thr Gly Thr Cys Leu Tyr Leu Ser Ser Leu Arg Lys His  
 225 230 235 240

Lys Pro Glu Ile Leu Ala Pro Ala Ser Ser Asn Ile Ile Gly Asn Val  
 245 250 255

Leu Ile Asp Pro Ser Ala Thr Ile Gly Lys Asn Cys Lys Ile Gly Pro  
 260 265 270

Asn Val Val Ile Gly Pro Asn Val Thr Ile Gly Asp Gly Val Arg Leu  
 275 280 285

Gln Arg Cys Ala Ile Leu Lys Ser Ser Arg Val Arg Asp His Ala Trp  
 290 295 300

Val Lys Ser Ser Ile Val Glv Trp Asn Ser Thr Leu Glv Ser Trp Ser

305                      310                      315                      320

Arg Leu Glu Asn Val Ser Val Leu Gly Asp Asp Val Val Val Asn Asp  
                                  325                      330                      335

Glu Ile Tyr Val Asn Gly Gly Ser Ile Leu Pro His Lys Ser Ile Ser  
                                  340                      345                      350

Ala Asn Ile Glu Val Pro Gly Thr Ile Val Met  
                                  355                      360

<210> 3  
 <211> 3787  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(3651)

<400> 3

atg gcg aac tta caa gtt tct ggg ata ctc gaa aag atg acg ggt aaa	48
Met Ala Asn Leu Gln Val Ser Gly Ile Leu Glu Lys Met Thr Gly Lys	
1                                      5                                      10                                      15	
gat aaa gat tac aga tac atg gca acc tct gat ttg ctt aat gag ttg	96
Asp Lys Asp Tyr Arg Tyr Met Ala Thr Ser Asp Leu Leu Asn Glu Leu	
20                                      25                                      30	
aat aag gat tcc ttt aaa atc gac ctg gac ttg gag gtg aga ttg tcg	144
Asn Lys Asp Ser Phe Lys Ile Asp Leu Asp Leu Glu Val Arg Leu Ser	
35                                      40                                      45	
agt atc ata ttg caa cag ctc gat gat gtg gct ggt gat gtt tct gga	192
Ser Ile Ile Leu Gln Gln Leu Asp Asp Val Ala Gly Asp Val Ser Gly	
50                                      55                                      60	
ttg gct gtt aaa tgt ctt gct cca ttg gtg aag aag gtt gga gaa gaa	240
Leu Ala Val Lys Cys Leu Ala Pro Leu Val Lys Lys Val Gly Glu Glu	
65                                      70                                      75                                      80	
cga att gtt gaa atg acc aac aag tta tgt gat aaa ctg ctg cat ggg	288
Arg Ile Val Glu Met Thr Asn Lys Leu Cys Asp Lys Leu Leu His Gly	
85                                      90                                      95	
aaa gac cag cat cgt gat acc gca agc ata gct ctc agg act gtt gtc	336
Lys Asp Gln His Arg Asp Thr Ala Ser Ile Ala Leu Arg Thr Val Val	
100                                      105                                      110	
gct caa att gct cct acg ctt gct cca tct att ctt gtt act cta aca	384
Ala Gln Ile Ala Pro Thr Leu Ala Pro Ser Ile Leu Val Thr Leu Thr	
115                                      120                                      125	
cca caa atg ata gga gga ata agt ggc cag gga atg agc tca ggg atc	432
Pro Gln Met Ile Gly Gly Ile Ser Gly Gln Gly Met Ser Ser Gly Ile	
130                                      135                                      140	
aag tgt gaa tgt ctt gag atc atg tgt gat gtt gtt caa aaa tat gga	480
Lvs Cvs Glu Cvs Leu Glu Ile Met Cvs Asp Val Val Gln Lvs Trv Glv	

145	150	155	160	
agt tta atg acg gat gat cac gag aag cta ttg aat aca ttg tta ttg				528
Ser Leu Met Thr	Asp Asp His	Glu Lys Leu Leu	Asn Thr Leu Leu Leu	
	165	170	175	
caa ttg ggc tgt aac caa gcc aca gtc agg aag aag act gtt aca tgc				576
Gln Leu Gly Cys Asn Gln Ala Thr Val Arg Lys Lys Thr Val Thr Cys				
	180	185	190	
att gct tct ctt gct tcc agt ctg tct gat gat ttg ctc gcg aag gcg				624
Ile Ala Ser Leu Ala Ser Ser Leu Ser Asp Asp Leu Leu Ala Lys Ala				
	195	200	205	
act gtt gaa gtt gtg aaa aat cta agt aac agg aat gca aaa tcg gag				672
Thr Val Glu Val Val Lys Asn Leu Ser Asn Arg Asn Ala Lys Ser Glu				
	210	215	220	
att aca cgt acc aat att caa atg att gga gct tta tgc cgt gct gtt				720
Ile Thr Arg Thr Asn Ile Gln Met Ile Gly Ala Leu Cys Arg Ala Val				
	225	230	235	240
ggg tac cgg ttt ggc act cat cta ggt aac act gtg cca gta tta atc				768
Gly Tyr Arg Phe Gly Thr His Leu Gly Asn Thr Val Pro Val Leu Ile				
	245	250	255	
aat tac tgc act agc gct tca gaa aat gac gag gag ctt cgc gag tat				816
Asn Tyr Cys Thr Ser Ala Ser Glu Asn Asp Glu Glu Leu Arg Glu Tyr				
	260	265	270	
agc tta cag gca ctt gaa agt ttc ttg cta cga tgt ccc agg gac atc				864
Ser Leu Gln Ala Leu Glu Ser Phe Leu Leu Arg Cys Pro Arg Asp Ile				
	275	280	285	
tca cca tat tgt gat gaa att tta aat ctt act tta gaa tat att agt				912
Ser Pro Tyr Cys Asp Glu Ile Leu Asn Leu Thr Leu Glu Tyr Ile Ser				
	290	295	300	
tat gac ccg aat ttt acg gac aat atg gag gaa gat act gat aat gag				960
Tyr Asp Pro Asn Phe Thr Asp Asn Met Glu Glu Asp Thr Asp Asn Glu				
	305	310	315	320
act ctt gaa gat gaa gaa gat gac gag agt gca aat gag tac aca gat				1008
Thr Leu Glu Asp Glu Glu Asp Asp Glu Ser Ala Asn Glu Tyr Thr Asp				
	325	330	335	
gat gaa gat gcc agc tgg aaa gtt agg aga gca gcg gcc aaa tgc cta				1056
Asp Glu Asp Ala Ser Trp Lys Val Arg Arg Ala Ala Ala Lys Cys Leu				
	340	345	350	
gca gga tta atc gtt tcg cgt tct gag atg ctc act aaa gta tat caa				1104
Ala Gly Leu Ile Val Ser Arg Ser Glu Met Leu Thr Lys Val Tyr Gln				
	355	360	365	
gag gcc tgc ccg aaa cta att gat aga ttt aag gaa agg gag gaa aat				1152
Glu Ala Cys Pro Lys Leu Ile Asp Arg Phe Lys Glu Arg Glu Glu Asn				
	370	375	380	
gtg aag atg gat gta ttc aac aca ttc att gat ctg ttg cgg caa acg				1200
Val Lys Met Asp Val Phe Asn Thr Phe Ile Asp Leu Leu Arg Gln Thr				
	385	390	395	400



gga aat gtt aca aaa ggt caa act gac acc gat gaa tca agt cca aaa	1248
Gly Asn Val Thr Lys Gly Gln Thr Asp Thr Asp Glu Ser Ser Pro Lys	
405 410 415	
tggt cta ctg aag caa gaa gtc tca aag att gtg aaa tcc ata aat agg	1296
Trp Leu Leu Lys Gln Glu Val Ser Lys Ile Val Lys Ser Ile Asn Arg	
420 425 430	
caa ctg cgc gaa aag tct gtt aag aca aag gtt gga gca ttc tct gtt	1344
Gln Leu Arg Glu Lys Ser Val Lys Thr Lys Val Gly Ala Phe Ser Val	
435 440 445	
ttg aga gaa ctt gtg gtt gtc ctg cct gac tgt ctt gct gat cat att	1392
Leu Arg Glu Leu Val Val Val Leu Pro Asp Cys Leu Ala Asp His Ile	
450 455 460	
ggt tca ctt gtt cct gga att gaa agg gcg cta aat gat aaa tct tct	1440
Gly Ser Leu Val Pro Gly Ile Glu Arg Ala Leu Asn Asp Lys Ser Ser	
465 470 475 480	
aca tca aac ttg aaa att gaa gct ctt gtc ttc acc aaa tta gtc ttg	1488
Thr Ser Asn Leu Lys Ile Glu Ala Leu Val Phe Thr Lys Leu Val Leu	
485 490 495	
gca tca cat gcg cct cct gtt ttt cac cct tac att aag gct ctt tca	1536
Ala Ser His Ala Pro Pro Val Phe His Pro Tyr Ile Lys Ala Leu Ser	
500 505 510	
agt cct gtt tta gct gct gtt ggt gaa gcg tat tat aag gtg act gct	1584
Ser Pro Val Leu Ala Ala Val Gly Glu Arg Tyr Tyr Lys Val Thr Ala	
515 520 525	
gag gca tta agg gtt tgt ggg gaa ctt gtc aga gta gta gcg cca agt	1632
Glu Ala Leu Arg Val Cys Gly Glu Leu Val Arg Val Val Arg Pro Ser	
530 535 540	
act gcg gga atg ggc ttt gat ttt aaa ccg ttt gtt cat cca atc tac	1680
Thr Ala Gly Met Gly Phe Asp Phe Lys Pro Phe Val His Pro Ile Tyr	
545 550 555 560	
aat gcg ata atg tcc cgc ttg aca aat caa gat cag gac cag gag gtc	1728
Asn Ala Ile Met Ser Arg Leu Thr Asn Gln Asp Gln Asp Gln Glu Val	
565 570 575	
aag gag tgt gct atc acc tgc atg ggt ctt gtg att tca aca ttt ggt	1776
Lys Glu Cys Ala Ile Thr Cys Met Gly Leu Val Ile Ser Thr Phe Gly	
580 585 590	
gat caa ctg agg gca gag tta cct tca tgc ctt cct gtg ctt gtt gat	1824
Asp Gln Leu Arg Ala Glu Leu Pro Ser Cys Leu Pro Val Leu Val Asp	
595 600 605	
cga atg gga aac gaa atc act cgc ctc act gca gta aag gca ttt tct	1872
Arg Met Gly Asn Glu Ile Thr Arg Leu Thr Ala Val Lys Ala Phe Ser	
610 615 620	
gtc att gcc act tct ccg ctt cac att aat cta tca tgt gtc ttg gac	1920
Val Ile Ala Thr Ser Pro Leu His Ile Asn Leu Ser Cys Val Leu Asp	
625 630 635 640	

cat ttg att gca gaa cta aca gga ttc tta cgg aag gct aat cgg gtt His Leu Ile Ala Glu Leu Thr Gly Phe Leu Arg Lys Ala Asn Arg Val 645 650 655	1968
cta agg caa gca aca ctg att act atg aat acc ttg gta aca gcc tat Leu Arg Gln Ala Thr Leu Ile Thr Met Asn Thr Leu Val Thr Ala Tyr 660 665 670	2016
ggt gat aaa att ggt tca gaa gct tat gaa gtt att ctt gtg gag ctt Gly Asp Lys Ile Gly Ser Glu Ala Tyr Glu Val Ile Leu Val Glu Leu 675 680 685	2064
tca tct ctg ata agt gtt tca gac ctg cac atg aca gct ctt gca ctc Ser Ser Leu Ile Ser Val Ser Asp Leu His Met Thr Ala Leu Ala Leu 690 695 700	2112
gaa ctc tgc tgc act ctg atg act gga aag agt tgt agt gaa aat atc Glu Leu Cys Cys Thr Leu Met Thr Gly Lys Ser Cys Ser Glu Asn Ile 705 710 715 720	2160
agt ttg gcg gtc cgc aac aaa gtt ctt ccg cag gca cta act tta gtt Ser Leu Ala Val Arg Asn Lys Val Leu Pro Gln Ala Leu Thr Leu Val 725 730 735	2208
aaa agc cca ttg ctc cag ggt caa gca ctt ttg gat ctg caa aaa ttc Lys Ser Pro Leu Leu Gln Gly Gln Ala Leu Leu Asp Leu Gln Lys Phe 740 745 750	2256
ttt gaa gct ctg gtg tat cat gca aat acg agt ttc tac acc ttg ctg Phe Glu Ala Leu Val Tyr His Ala Asn Thr Ser Phe Tyr Thr Leu Leu 755 760 765	2304
gaa tca ttg cta tct tgt gct aag cct tct cct cag tct gga ggt gtc Glu Ser Leu Leu Ser Cys Ala Lys Pro Ser Pro Gln Ser Gly Gly Val 770 775 780	2352
cca aag caa gca cta tat tca att gca cag tgt gtg gcg gtt ctt tgt Pro Lys Gln Ala Leu Tyr Ser Ile Ala Gln Cys Val Ala Val Leu Cys 785 790 795 800	2400
ctc gca gcg ggt gat aag aat tgt tgc tct aca gtt aaa atg ctc atg Leu Ala Ala Gly Asp Lys Asn Cys Ser Ser Thr Val Lys Met Leu Met 805 810 815	2448
gaa atc ctt aaa gat gac agc ggc aca aat tca gca aaa caa cat ctt Glu Ile Leu Lys Asp Asp Ser Gly Thr Asn Ser Ala Lys Gln His Leu 820 825 830	2496
gcc ctg tta tct ctt ggt gag att ggg aga agg aaa gat ctc agc gca Ala Leu Leu Ser Leu Gly Glu Ile Gly Arg Arg Lys Asp Leu Ser Ala 835 840 845	2544
cat gct ggc att gaa aca atc gtc att gag tct ttc caa tct cct ttt His Ala Gly Ile Glu Thr Ile Val Ile Glu Ser Phe Gln Ser Pro Phe 850 855 860	2592
gaa gaa ata aag tcc gca gct tca tat gct ctt gga aac att gcc gtt Glu Glu Ile Lys Ser Ala Ala Ser Tyr Ala Leu Gly Asn Ile Ala Val 865 870 875 880	2640
ccc aat cta tcc aat tat cta ccc ttt ata tta gac cag atc aat aat	2688

Gly Asn Leu Ser Asn Tyr Leu Pro Phe Ile Leu Asp Gln Ile Asp Asn	
885 890 895	
caa cag aaa aaa caa tat att ctc ctt cat tca ctc aag gag gtt att	2736
Gln Gln Lys Lys Gln Tyr Ile Leu Leu His Ser Leu Lys Glu Val Ile	
900 905 910	
gtg aga cag tct gtt gat aaa gcg gat ttc cag aat tcc agc gtt gag	2784
Val Arg Gln Ser Val Asp Lys Ala Asp Phe Gln Asn Ser Ser Val Glu	
915 920 925	
aaa ata ctt gct tta ctg ttc aac cac tgt gaa agc gag gaa gaa ggt	2832
Lys Ile Leu Ala Leu Leu Phe Asn His Cys Glu Ser Glu Glu Glu Gly	
930 935 940	
gta agg aat gtt gtt gct gaa tgc ttg gga aaa atg gct ttg ata gag	2880
Val Arg Asn Val Val Ala Glu Cys Leu Gly Lys Met Ala Leu Ile Glu	
945 950 955 960	
cct gag aaa ctt gtt cca gca ctt cag gtc agg aca acg agc cca gct	2928
Pro Glu Lys Leu Val Pro Ala Leu Gln Val Arg Thr Thr Ser Pro Ala	
965 970 975	
gct ttt acc cgt gca act gtt gtt act gct gtg aaa tat tca gta gtg	2976
Ala Phe Thr Arg Ala Thr Val Val Thr Ala Val Lys Tyr Ser Val Val	
980 985 990	
gaa cga cct gag aaa tta gat gaa atc atc ttc cct cag att tct tct	3024
Glu Arg Pro Glu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Phe Pro Gln Ile Ser Ser	
995 1000 1005	
ttc ctc atg cta atc aaa gat ggt gac cgt cat gtt agg cgt gca gct	3072
Phe Leu Met Leu Ile Lys Asp Gly Asp Arg His Val Arg Arg Ala Ala	
1010 1015 1020	
gtc tca gct ctg agt act ttt gct cat tat aaa cca aac ctt att aaa	3120
Val Ser Ala Leu Ser Thr Phe Ala His Tyr Lys Pro Asn Leu Ile Lys	
1025 1030 1035 1040	
gga ctt ctc cct gag ttg tta cca ctt ctt tat gat cag acc gtt att	3168
Gly Leu Leu Pro Glu Leu Leu Pro Leu Leu Tyr Asp Gln Thr Val Ile	
1045 1050 1055	
aag aaa gaa tta atc agg acg gtt gat ctt ggt cca ttc aag cat gtt	3216
Lys Lys Glu Leu Ile Arg Thr Val Asp Leu Gly Pro Phe Lys His Val	
1060 1065 1070	
gtg gat gac ggg ctc gag ctg agg aaa gca gct ttt gag tgt gtg ttt	3264
Val Asp Asp Gly Leu Glu Leu Arg Lys Ala Ala Phe Glu Cys Val Phe	
1075 1080 1085	
act ctg gtg gac agc tgc ctt gat caa gtt aat ccg tct tct ttc att	3312
Thr Leu Val Asp Ser Cys Leu Asp Gln Val Asn Pro Ser Ser Phe Ile	
1090 1095 1100	
gtt cct ttc ctc aaa tcc gga tta gaa gat cat tat gac ctg aag atg	3360
Val Pro Phe Leu Lys Ser Gly Leu Glu Asp His Tyr Asp Leu Lys Met	
1105 1110 1115 1120	
ctt tgt cat ctt ata ctc tcc tta cta gca gat aaa tgc cca tca gcc	3408
Leu Cys His Leu Ile Leu Ser Leu Leu Ala Asp Lys Cys Pro Ser Ala	

1125                      1130                      1135  
 gta ctt gca gta ctg gat tct ctt gtg gaa cca ctg cat aaa aca ata 3456  
 Val Leu Ala Val Leu Asp Ser Leu Val Glu Pro Leu His Lys Thr Ile  
           1140                      1145                      1150  
 agc ttc aag cca aag caa gat gca gtg aag caa gag cat gat cgt aat 3504  
 Ser Phe Lys Pro Lys Gln Asp Ala Val Lys Gln Glu His Asp Arg Asn  
           1155                      1160                      1165  
 gaa gat atg atc aga agc gct ctt cgt gct ata tcg tca ctg gat cgt 3552  
 Glu Asp Met Ile Arg Ser Ala Leu Arg Ala Ile Ser Ser Leu Asp Arg  
           1170                      1175                      1180  
 atc aat ggg gtg gac tat agc cac aag ttc aag ggc tta atg ggt gat 3600  
 Ile Asn Gly Val Asp Tyr Ser His Lys Phe Lys Gly Leu Met Gly Asp  
 1185                      1190                      1195                      1200  
 atg aag agg tct gta cca ttg tgg gag aag ttt cag aca atc cgg aat 3648  
 Met Lys Arg Ser Val Pro Leu Trp Glu Lys Phe Gln Thr Ile Arg Asn  
           1205                      1210                      1215  
 gag taagtttttg tgtatgttgt cttcattaaa cagtgatcga tgatgatttt 3701  
 Glu  
 ctattccaaa aaagggtaca gcgaaagaaa aaaaaagact cgataactta aattttctcaa 3761  
 tcggcgaaga agaattttttt taatat 3787  
  
 <210> 4  
 <211> 1217  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana  
  
 <400> 4  
 Met Ala Asn Leu Gln Val Ser Gly Ile Leu Glu Lys Met Thr Gly Lys  
   1                      5                      10                      15  
 Asp Lys Asp Tyr Arg Tyr Met Ala Thr Ser Asp Leu Leu Asn Glu Leu  
           20                      25                      30  
 Asn Lys Asp Ser Phe Lys Ile Asp Leu Asp Leu Glu Val Arg Leu Ser  
           35                      40                      45  
 Ser Ile Ile Leu Gln Gln Leu Asp Asp Val Ala Gly Asp Val Ser Gly  
           50                      55                      60  
 Leu Ala Val Lys Cys Leu Ala Pro Leu Val Lys Lys Val Gly Glu Glu  
           65                      70                      75                      80  
 Arg Ile Val Glu Met Thr Asn Lys Leu Cys Asp Lys Leu Leu His Gly  
           85                      90                      95  
 Lys Asp Gln His Arg Asp Thr Ala Ser Ile Ala Leu Arg Thr Val Val  
           100                      105                      110  
 Ala Gln Ile Ala Pro Thr Leu Ala Pro Ser Ile Leu Val Thr Leu Thr  
           115                      120                      125  
 Pro Gln Met Ile Glv Glv Ile Ser Glv Gln Glv Met Ser Ser Glv Ile

130	135	140
Lys Cys Glu Cys Leu Glu Ile Met Cys Asp Val Val Gln Lys Tyr Gly		
145	150	155 160
Ser Leu Met Thr Asp Asp His Glu Lys Leu Leu Asn Thr Leu Leu Leu		
	165	170 175
Gln Leu Gly Cys Asn Gln Ala Thr Val Arg Lys Lys Thr Val Thr Cys		
	180	185 190
Ile Ala Ser Leu Ala Ser Ser Leu Ser Asp Asp Leu Leu Ala Lys Ala		
	195	200 205
Thr Val Glu Val Val Lys Asn Leu Ser Asn Arg Asn Ala Lys Ser Glu		
	210	215 220
Ile Thr Arg Thr Asn Ile Gln Met Ile Gly Ala Leu Cys Arg Ala Val		
	225	230 235 240
Gly Tyr Arg Phe Gly Thr His Leu Gly Asn Thr Val Pro Val Leu Ile		
	245	250 255
Asn Tyr Cys Thr Ser Ala Ser Glu Asn Asp Glu Glu Leu Arg Glu Tyr		
	260	265 270
Ser Leu Gln Ala Leu Glu Ser Phe Leu Leu Arg Cys Pro Arg Asp Ile		
	275	280 285
Ser Pro Tyr Cys Asp Glu Ile Leu Asn Leu Thr Leu Glu Tyr Ile Ser		
	290	295 300
Tyr Asp Pro Asn Phe Thr Asp Asn Met Glu Glu Asp Thr Asp Asn Glu		
	305	310 315 320
Thr Leu Glu Asp Glu Glu Asp Asp Glu Ser Ala Asn Glu Tyr Thr Asp		
	325	330 335
Asp Glu Asp Ala Ser Trp Lys Val Arg Arg Ala Ala Ala Lys Cys Leu		
	340	345 350
Ala Gly Leu Ile Val Ser Arg Ser Glu Met Leu Thr Lys Val Tyr Gln		
	355	360 365
Glu Ala Cys Pro Lys Leu Ile Asp Arg Phe Lys Glu Arg Glu Glu Asn		
	370	375 380
Val Lys Met Asp Val Phe Asn Thr Phe Ile Asp Leu Leu Arg Gln Thr		
	385	390 395 400
Gly Asn Val Thr Lys Gly Gln Thr Asp Thr Asp Glu Ser Ser Pro Lys		
	405	410 415
Trp Leu Leu Lys Gln Glu Val Ser Lys Ile Val Lys Ser Ile Asn Arg		
	420	425 430
Gln Leu Arg Glu Lys Ser Val Lys Thr Lys Val Gly Ala Phe Ser Val		
	435	440 445
Leu Arg Glu Leu Val Val Val Leu Pro Asp Cys Leu Ala Asp His Ile		
	450	455 460

Gly Ser Leu Val Pro Gly Ile Glu Arg Ala Leu Asn Asp Lys Ser Ser  
 465 470 475 480  
 Thr Ser Asn Leu Lys Ile Glu Ala Leu Val Phe Thr Lys Leu Val Leu  
 485 490 495  
 Ala Ser His Ala Pro Pro Val Phe His Pro Tyr Ile Lys Ala Leu Ser  
 500 505 510  
 Ser Pro Val Leu Ala Ala Val Gly Glu Arg Tyr Tyr Lys Val Thr Ala  
 515 520 525  
 Glu Ala Leu Arg Val Cys Gly Glu Leu Val Arg Val Val Arg Pro Ser  
 530 535 540  
 Thr Ala Gly Met Gly Phe Asp Phe Lys Pro Phe Val His Pro Ile Tyr  
 545 550 555 560  
 Asn Ala Ile Met Ser Arg Leu Thr Asn Gln Asp Gln Asp Gln Glu Val  
 565 570 575  
 Lys Glu Cys Ala Ile Thr Cys Met Gly Leu Val Ile Ser Thr Phe Gly  
 580 585 590  
 Asp Gln Leu Arg Ala Glu Leu Pro Ser Cys Leu Pro Val Leu Val Asp  
 595 600 605  
 Arg Met Gly Asn Glu Ile Thr Arg Leu Thr Ala Val Lys Ala Phe Ser  
 610 615 620  
 Val Ile Ala Thr Ser Pro Leu His Ile Asn Leu Ser Cys Val Leu Asp  
 625 630 635 640  
 His Leu Ile Ala Glu Leu Thr Gly Phe Leu Arg Lys Ala Asn Arg Val  
 645 650 655  
 Leu Arg Gln Ala Thr Leu Ile Thr Met Asn Thr Leu Val Thr Ala Tyr  
 660 665 670  
 Gly Asp Lys Ile Gly Ser Glu Ala Tyr Glu Val Ile Leu Val Glu Leu  
 675 680 685  
 Ser Ser Leu Ile Ser Val Ser Asp Leu His Met Thr Ala Leu Ala Leu  
 690 695 700  
 Glu Leu Cys Cys Thr Leu Met Thr Gly Lys Ser Cys Ser Glu Asn Ile  
 705 710 715 720  
 Ser Leu Ala Val Arg Asn Lys Val Leu Pro Gln Ala Leu Thr Leu Val  
 725 730 735  
 Lys Ser Pro Leu Leu Gln Gly Gln Ala Leu Leu Asp Leu Gln Lys Phe  
 740 745 750  
 Phe Glu Ala Leu Val Tyr His Ala Asn Thr Ser Phe Tyr Thr Leu Leu  
 755 760 765  
 Glu Ser Leu Leu Ser Cys Ala Lys Pro Ser Pro Gln Ser Gly Gly Val  
 770 775 780

Pro Lys Gln Ala Leu Tyr Ser Ile Ala Gln Cys Val Ala Val Leu Cys  
 785 790 795 800  
 Leu Ala Ala Gly Asp Lys Asn Cys Ser Ser Thr Val Lys Met Leu Met  
 805 810 815  
 Glu Ile Leu Lys Asp Asp Ser Gly Thr Asn Ser Ala Lys Gln His Leu  
 820 825 830  
 Ala Leu Leu Ser Leu Gly Glu Ile Gly Arg Arg Lys Asp Leu Ser Ala  
 835 840 845  
 His Ala Gly Ile Glu Thr Ile Val Ile Glu Ser Phe Gln Ser Pro Phe  
 850 855 860  
 Glu Glu Ile Lys Ser Ala Ala Ser Tyr Ala Leu Gly Asn Ile Ala Val  
 865 870 875 880  
 Gly Asn Leu Ser Asn Tyr Leu Pro Phe Ile Leu Asp Gln Ile Asp Asn  
 885 890 895  
 Gln Gln Lys Lys Gln Tyr Ile Leu Leu His Ser Leu Lys Glu Val Ile  
 900 905 910  
 Val Arg Gln Ser Val Asp Lys Ala Asp Phe Gln Asn Ser Ser Val Glu  
 915 920 925  
 Lys Ile Leu Ala Leu Leu Phe Asn His Cys Glu Ser Glu Glu Glu Gly  
 930 935 940  
 Val Arg Asn Val Val Ala Glu Cys Leu Gly Lys Met Ala Leu Ile Glu  
 945 950 955 960  
 Pro Glu Lys Leu Val Pro Ala Leu Gln Val Arg Thr Thr Ser Pro Ala  
 965 970 975  
 Ala Phe Thr Arg Ala Thr Val Val Thr Ala Val Lys Tyr Ser Val Val  
 980 985 990  
 Glu Arg Pro Glu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Phe Pro Gln Ile Ser Ser  
 995 1000 1005  
 Phe Leu Met Leu Ile Lys Asp Gly Asp Arg His Val Arg Arg Ala Ala  
 1010 1015 1020  
 Val Ser Ala Leu Ser Thr Phe Ala His Tyr Lys Pro Asn Leu Ile Lys  
 1025 1030 1035 1040  
 Gly Leu Leu Pro Glu Leu Leu Pro Leu Leu Tyr Asp Gln Thr Val Ile  
 1045 1050 1055  
 Lys Lys Glu Leu Ile Arg Thr Val Asp Leu Gly Pro Phe Lys His Val  
 1060 1065 1070  
 Val Asp Asp Gly Leu Glu Leu Arg Lys Ala Ala Phe Glu Cys Val Phe  
 1075 1080 1085  
 Thr Leu Val Asp Ser Cys Leu Asp Gln Val Asn Pro Ser Ser Phe Ile  
 1090 1095 1100  
 Val Pro Phe Leu Lys Ser Glu Leu Glu Asp His Tyr Asp Leu Lys Met

## 13

105                    1110                    1115                    1120  
 Leu Cys His Leu Ile Leu Ser Leu Leu Ala Asp Lys Cys Pro Ser Ala  
                          1125                    1130                    1135  
 Val Leu Ala Val Leu Asp Ser Leu Val Glu Pro Leu His Lys Thr Ile  
                          1140                    1145                    1150  
 Ser Phe Lys Pro Lys Gln Asp Ala Val Lys Gln Glu His Asp Arg Asn  
                          1155                    1160                    1165  
 Glu Asp Met Ile Arg Ser Ala Leu Arg Ala Ile Ser Ser Leu Asp Arg  
                          1170                    1175                    1180  
 Ile Asn Gly Val Asp Tyr Ser His Lys Phe Lys Gly Leu Met Gly Asp  
 185                                   1190                    1195                    1200  
 Met Lys Arg Ser Val Pro Leu Trp Glu Lys Phe Gln Thr Ile Arg Asn  
                          1205                    1210                    1215  
 Glu

<210> 5  
 <211> 1576  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1242)

<400> 5  
 ggg ttt caa agg gac cag aat tta caa cta cat cgc cgt ggc cac aac 48  
 Gly Phe Gln Arg Asp Gln Asn Leu Gln Leu His Arg Arg Gly His Asn  
   1                                  5                                  10                                  15  
 ctt cca tgg aag cta aag caa cgg tcc aaa caa gaa gtg ata aag aag 96  
 Leu Pro Trp Lys Leu Lys Gln Arg Ser Lys Gln Glu Val Ile Lys Lys  
                                   20                                  25                                  30  
 aaa gta tac ata tgt cct atc aag act tgt gta cac cat gat gcc tcc 144  
 Lys Val Tyr Ile Cys Pro Ile Lys Thr Cys Val His His Asp Ala Ser  
                                   35                                  40                                  45  
 agg gcc ctt gga gac ctc act ggg atc aag aaa cac tac agc cgc aaa 192  
 Arg Ala Leu Gly Asp Leu Thr Gly Ile Lys Lys His Tyr Ser Arg Lys  
                                   50                                  55                                  60  
 cac ggt gaa aag aag tgg aag tgt gaa aag tgt tct aag aaa tac gct 240  
 His Gly Glu Lys Lys Trp Lys Cys Glu Lys Cys Ser Lys Lys Tyr Ala  
   65                                  70                                  75                                  80  
 gtt cag tct gat tgg aag gca cat gcg aaa act tgt ggt act cgt gag 288  
 Val Gln Ser Asp Trp Lys Ala His Ala Lys Thr Cys Gly Thr Arg Glu  
                                   85                                  90                                  95  
 tat aaa tgt gac tgt ggc acg ttg ttc tcc agg aaa gat agt ttc atc 336  
 Trp Lys Cys Asp Cys Glu Thr Leu Phe Ser Arg Lys Asp Ser Phe Ile



100	105	110	
aca cat aga gcg ttc tgc gac gca tta act gag gaa gga gcg agg atg			384
Thr His Arg Ala Phe Cys Asp Ala Leu Thr Glu Glu Gly Ala Arg Met			
115	120	125	
agt tca ctt agt aac aac aat ccg gtg atc tct acg acg aat ctg aat			432
Ser Ser Leu Ser Asn Asn Asn Pro Val Ile Ser Thr Thr Asn Leu Asn			
130	135	140	
ttt gga aat gag tca aat gtt atg aat aat cca aat ctt cct cat gga			480
Phe Gly Asn Glu Ser Asn Val Met Asn Asn Pro Asn Leu Pro His Gly			
145	150	155	160
ttt gta cac cga gga gtt cat cat ccc gac att aat gct gct atc tct			528
Phe Val His Arg Gly Val His His Pro Asp Ile Asn Ala Ala Ile Ser			
165	170	175	
caa ttc ggt cta ggg ttt gga cat gac cta agt gca atg cat gcg caa			576
Gln Phe Gly Leu Gly Phe Gly His Asp Leu Ser Ala Met His Ala Gln			
180	185	190	
ggg cta tcc gag atg gtt caa atg gcc tcc acc ggc aac cac cac ctc			624
Gly Leu Ser Glu Met Val Gln Met Ala Ser Thr Gly Asn His His Leu			
195	200	205	
ttc ccg tcg tca tca tca tcc ctc cct gat ttc tcc ggc cac cac caa			672
Phe Pro Ser Ser Ser Ser Ser Leu Pro Asp Phe Ser Gly His His Gln			
210	215	220	
ttc caa att cca atg act tcc aca aac cct agt ctc acc tta tca tca			720
Phe Gln Ile Pro Met Thr Ser Thr Asn Pro Ser Leu Thr Leu Ser Ser			
225	230	235	240
tcc tca aca tca caa caa acc tca gct tca cta caa cac caa acc cta			768
Ser Ser Thr Ser Gln Gln Thr Ser Ala Ser Leu Gln His Gln Thr Leu			
245	250	255	
aaa gac tca tct ttc tca cca ctc ttc tcc tct tcc tcc gaa aac aaa			816
Lys Asp Ser Ser Phe Ser Pro Leu Phe Ser Ser Ser Ser Glu Asn Lys			
260	265	270	
caa aac aag cct ctc tct cca atg tct gcc aca gct ctc tta caa aaa			864
Gln Asn Lys Pro Leu Ser Pro Met Ser Ala Thr Ala Leu Leu Gln Lys			
275	280	285	
gct gca caa atg ggc tct act aga agc aat tcc tcc acc gct ccg tca			912
Ala Ala Gln Met Gly Ser Thr Arg Ser Asn Ser Ser Thr Ala Pro Ser			
290	295	300	
ttc ttc gcc ggc cca aca atg aca tcc tcc tcg gcc acc gct tct cct			960
Phe Phe Ala Gly Pro Thr Met Thr Ser Ser Ser Ala Thr Ala Ser Pro			
305	310	315	320
cct cct aga tcg tct tct cca atg atg atc caa caa caa cta aac aac			1008
Pro Pro Arg Ser Ser Ser Pro Met Met Ile Gln Gln Gln Leu Asn Asn			
325	330	335	
ttc aac acc aat gtc tta aga gag aat cat aat cgt gct cct cct cct			1056
Phe Asn Thr Asn Val Leu Arg Glu Asn His Asn Arg Ala Pro Pro Pro			
340	345	350	

ctt agt ggt gtc tcc act agt agt gtg gat aat aat ccc ttt caa tcg 1104  
 Leu Ser Gly Val Ser Thr Ser Ser Val Asp Asn Asn Pro Phe Gln Ser  
 355 360 365  
 aac cga tcg ggt cta aac ccg gct caa cag atg ggt cta acc cgg gat 1152  
 Asn Arg Ser Gly Leu Asn Pro Ala Gln Gln Met Gly Leu Thr Arg Asp  
 370 375 380  
 ttt ctt gga gtg agc aac gag cat cac cct cac caa acg ggt cgt cgt 1200  
 Phe Leu Gly Val Ser Asn Glu His His Pro His Gln Thr Gly Arg Arg  
 385 390 395 400  
 ccg ttt ttg cct caa gaa ctc gca agg ttt gct cca ttg ggt 1242  
 Pro Phe Leu Pro Gln Glu Leu Ala Arg Phe Ala Pro Leu Gly  
 405 410  
 tgattatgtg ttttaattagg tactgtgtgg gggggacaag attttggtt taattaggat 1302  
 tggaagttcc tttgaggaga caagtctaata taagaaccgt acccccttgt gaagcggtcg 1362  
 gaatgtgggg acaaagggtg acaagacatc atcatatcaa tttacattga atgttatgta 1422  
 cttttttact atgtttatga ttatcgcaat tcacataata tataccacca tgacatgcat 1482  
 ggatatgtat ttccgacatt gtcgttttgt aaatgttgtt ttttttttct cgttcttgta 1542  
 atgacattca aaaaattggt aaatcttcag gctt 1576

<210> 6  
 <211> 414  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 6  
 Gly Phe Gln Arg Asp Gln Asn Leu Gln Leu His Arg Arg Gly His Asn  
 1 5 10 15  
 Leu Pro Trp Lys Leu Lys Gln Arg Ser Lys Gln Glu Val Ile Lys Lys  
 20 25 30  
 Lys Val Tyr Ile Cys Pro Ile Lys Thr Cys Val His His Asp Ala Ser  
 35 40 45  
 Arg Ala Leu Gly Asp Leu Thr Gly Ile Lys Lys His Tyr Ser Arg Lys  
 50 55 60  
 His Gly Glu Lys Lys Trp Lys Cys Glu Lys Cys Ser Lys Lys Tyr Ala  
 65 70 75 80  
 Val Gln Ser Asp Trp Lys Ala His Ala Lys Thr Cys Gly Thr Arg Glu  
 85 90 95  
 Tyr Lys Cys Asp Cys Gly Thr Leu Phe Ser Arg Lys Asp Ser Phe Ile  
 100 105 110  
 Thr His Arg Ala Phe Cys Asp Ala Leu Thr Glu Glu Gly Ala Arg Met  
 115 120 125  
 Ser Ser Leu Ser Asn Asn Asn Pro Val Ile Ser Thr Thr Asn Leu Asn

130	135	140
Phe Gly Asn Glu Ser Asn Val Met Asn Asn Pro Asn Leu Pro His Gly 145 150 155 160		
Phe Val His Arg Gly Val His His Pro Asp Ile Asn Ala Ala Ile Ser 165 170 175		
Gln Phe Gly Leu Gly Phe Gly His Asp Leu Ser Ala Met His Ala Gln 180 185 190		
Gly Leu Ser Glu Met Val Gln Met Ala Ser Thr Gly Asn His His Leu 195 200 205		
Phe Pro Ser Ser Ser Ser Ser Leu Pro Asp Phe Ser Gly His His Gln 210 215 220		
Phe Gln Ile Pro Met Thr Ser Thr Asn Pro Ser Leu Thr Leu Ser Ser 225 230 235 240		
Ser Ser Thr Ser Gln Gln Thr Ser Ala Ser Leu Gln His Gln Thr Leu 245 250 255		
Lys Asp Ser Ser Phe Ser Pro Leu Phe Ser Ser Ser Ser Glu Asn Lys 260 265 270		
Gln Asn Lys Pro Leu Ser Pro Met Ser Ala Thr Ala Leu Leu Gln Lys 275 280 285		
Ala Ala Gln Met Gly Ser Thr Arg Ser Asn Ser Ser Thr Ala Pro Ser 290 295 300		
Phe Phe Ala Gly Pro Thr Met Thr Ser Ser Ser Ala Thr Ala Ser Pro 305 310 315 320		
Pro Pro Arg Ser Ser Ser Pro Met Met Ile Gln Gln Gln Leu Asn Asn 325 330 335		
Phe Asn Thr Asn Val Leu Arg Glu Asn His Asn Arg Ala Pro Pro Pro 340 345 350		
Leu Ser Gly Val Ser Thr Ser Ser Val Asp Asn Asn Pro Phe Gln Ser 355 360 365		
Asn Arg Ser Gly Leu Asn Pro Ala Gln Gln Met Gly Leu Thr Arg Asp 370 375 380		
Phe Leu Gly Val Ser Asn Glu His His Pro His Gln Thr Gly Arg Arg 385 390 395 400		
Pro Phe Leu Pro Gln Glu Leu Ala Arg Phe Ala Pro Leu Gly 405 410		

&lt;210&gt; 7

&lt;211&gt; 1285

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (32)..(1102)

&lt;400&gt; 7

```

ctagattatt ctactcttcg aagtcgattc a atg gaa ggt tcc tcg tca gcc 52
                        Met Glu Gly Ser Ser Ser Ala
                        1                      5

atc gcg agg aag aca tgg gag cta gag aac aac att ctc cca gtg gaa 100
Ile Ala Arg Lys Thr Trp Glu Leu Glu Asn Asn Ile Leu Pro Val Glu
      10                      15                      20

cca acc gat tca gcc tcc gac agt ata ttc cac tac gac gac gct tca 148
Pro Thr Asp Ser Ala Ser Asp Ser Ile Phe His Tyr Asp Asp Ala Ser
      25                      30                      35

caa gcc aaa atc cag cag gag aag cca tgg gcc tcc gat cct aac tac 196
Gln Ala Lys Ile Gln Gln Glu Lys Pro Trp Ala Ser Asp Pro Asn Tyr
      40                      45                      50                      55

ttc aag cgc gtt cac atc tca gcc ctt gct ctt ctc aag atg gtg gtt 244
Phe Lys Arg Val His Ile Ser Ala Leu Ala Leu Leu Lys Met Val Val
      60                      65                      70

cac gct cgc tcc ggt ggc aca atc gag atc atg ggt ctt atg cag ggt 292
His Ala Arg Ser Gly Gly Thr Ile Glu Ile Met Gly Leu Met Gln Gly
      75                      80                      85

aaa acc gag ggt gat aca atc atc gtt atg gat gct ttt gct ttg cct 340
Lys Thr Glu Gly Asp Thr Ile Ile Val Met Asp Ala Phe Ala Leu Pro
      90                      95                      100

gtt gaa ggt act gag act agg gtt aat gct cag tct gat gcc tat gag 388
Val Glu Gly Thr Glu Thr Arg Val Asn Ala Gln Ser Asp Ala Tyr Glu
      105                      110                      115

tat atg gtt gaa tac tct cag acc agc aag ctg gct ggg agg ttg gag 436
Tyr Met Val Glu Tyr Ser Gln Thr Ser Lys Leu Ala Gly Arg Leu Glu
      120                      125                      130                      135

aac gtt gtt gga tgg tat cac tct cac cct ggg tat gga tgt tgg ctc 484
Asn Val Val Gly Trp Tyr His Ser His Pro Gly Tyr Gly Cys Trp Leu
      140                      145                      150

tcg ggt att gat gtt tcg aca cag atg ctt aac caa cag tat cag gag 532
Ser Gly Ile Asp Val Ser Thr Gln Met Leu Asn Gln Gln Tyr Gln Glu
      155                      160                      165

cca ttc tta gct gtt gtt att gat cca aca agg act gtt tcg gct ggt 580
Pro Phe Leu Ala Val Val Ile Asp Pro Thr Arg Thr Val Ser Ala Gly
      170                      175                      180

aag gtt gag att ggg gca ttc aga aca tat cca gag gga cat aag atc 628
Lys Val Glu Ile Gly Ala Phe Arg Thr Tyr Pro Glu Gly His Lys Ile
      185                      190                      195

tcg gat gat cat gtt tct gag tat cag act atc cct ctt aac aag att 676
Ser Asp Asp His Val Ser Glu Tyr Gln Thr Ile Pro Leu Asn Lys Ile
      200                      205                      210                      215

aag aac ttt aat ata cat tac aaa cag tac tac tca tta aac atc act 724

```

Glu Asp Phe Gly Val His Cys Lys Gln Tyr Tyr Ser Leu Asp Ile Thr  
 220 225 230  
 tat ttc aag tca tct ctc gat agt cac ctt ctg gat ctc ctt ggg aac 772  
 Tyr Phe Lys Ser Ser Leu Asp Ser His Leu Leu Asp Leu Leu Gly Asn  
 235 240 245  
 aag tac tgg gtg aac act ctt tct tct tcc cca ctg ttg ggc aat gga 820  
 Lys Tyr Trp Val Asn Thr Leu Ser Ser Ser Pro Leu Leu Gly Asn Gly  
 250 255 260  
 gac tat gtt gcc ggg caa ata tca gac ttg gct gag aag ctc gag caa 868  
 Asp Tyr Val Ala Gly Gln Ile Ser Asp Leu Ala Glu Lys Leu Glu Gln  
 265 270 275  
 gcg gag agt cag ctc gct aac tcc cgg tat gga gga att gcg cca gcc 916  
 Ala Glu Ser Gln Leu Ala Asn Ser Arg Tyr Gly Gly Ile Ala Pro Ala  
 280 285 290 295  
 ggt cac caa agg agg aaa gag gat gag cct caa ctc gcg aag ata act 964  
 Gly His Gln Arg Arg Lys Glu Asp Glu Pro Gln Leu Ala Lys Ile Thr  
 300 305 310  
 cgg gat agt gca aag ata act gtc gag cag gtc cat gga cta atg tca 1012  
 Arg Asp Ser Ala Lys Ile Thr Val Glu Gln Val His Gly Leu Met Ser  
 315 320 325  
 cag gtt atc aaa gac atc ttg ttc aat tcc gct cgt cag tcc aag aag 1060  
 Gln Val Ile Lys Asp Ile Leu Phe Asn Ser Ala Arg Gln Ser Lys Lys  
 330 335 340  
 tct gct gac gac tca tca gat cca gag ccc atg att aca tcg 1102  
 Ser Ala Asp Asp Ser Ser Asp Pro Glu Pro Met Ile Thr Ser  
 345 350 355  
 tgaagttggt ctattctttt gtttttggct gcggaaattg actatcggtt tgacccggtt 1162  
 tatgaggcaa tgcccattgt tccctatatc tctagtgtag tatctgcttc agacaaagat 1222  
 ctttgggtta ttaaagaca ttaacataaa atcgatcatt atgttttagc gaaaaaggta 1282  
 aat 1285

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 357

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 8

Met Glu Gly Ser Ser Ser Ala Ile Ala Arg Lys Thr Trp Glu Leu Glu  
 1 5 10 15

Asn Asn Ile Leu Pro Val Glu Pro Thr Asp Ser Ala Ser Asp Ser Ile  
 20 25 30

Phe His Tyr Asp Asp Ala Ser Gln Ala Lys Ile Gln Gln Glu Lys Pro  
 35 40 45

Trp Ala Ser Asp Pro Asn Tyr Phe Lys Arg Val His Ile Ser Ala Leu  
 50 55 60

Ala Leu Leu Lys Met Val Val His Ala Arg Ser Gly Gly Thr Ile Glu  
 65 70 75 80  
 Ile Met Gly Leu Met Gln Gly Lys Thr Glu Gly Asp Thr Ile Ile Val  
 85 90 95  
 Met Asp Ala Phe Ala Leu Pro Val Glu Gly Thr Glu Thr Arg Val Asn  
 100 105 110  
 Ala Gln Ser Asp Ala Tyr Glu Tyr Met Val Glu Tyr Ser Gln Thr Ser  
 115 120 125  
 Lys Leu Ala Gly Arg Leu Glu Asn Val Val Gly Trp Tyr His Ser His  
 130 135 140  
 Pro Gly Tyr Gly Cys Trp Leu Ser Gly Ile Asp Val Ser Thr Gln Met  
 145 150 155 160  
 Leu Asn Gln Gln Tyr Gln Glu Pro Phe Leu Ala Val Val Ile Asp Pro  
 165 170 175  
 Thr Arg Thr Val Ser Ala Gly Lys Val Glu Ile Gly Ala Phe Arg Thr  
 180 185 190  
 Tyr Pro Glu Gly His Lys Ile Ser Asp Asp His Val Ser Glu Tyr Gln  
 195 200 205  
 Thr Ile Pro Leu Asn Lys Ile Glu Asp Phe Gly Val His Cys Lys Gln  
 210 215 220  
 Tyr Tyr Ser Leu Asp Ile Thr Tyr Phe Lys Ser Ser Leu Asp Ser His  
 225 230 235 240  
 Leu Leu Asp Leu Leu Gly Asn Lys Tyr Trp Val Asn Thr Leu Ser Ser  
 245 250 255  
 Ser Pro Leu Leu Gly Asn Gly Asp Tyr Val Ala Gly Gln Ile Ser Asp  
 260 265 270  
 Leu Ala Glu Lys Leu Glu Gln Ala Glu Ser Gln Leu Ala Asn Ser Arg  
 275 280 285  
 Tyr Gly Gly Ile Ala Pro Ala Gly His Gln Arg Arg Lys Glu Asp Glu  
 290 295 300  
 Pro Gln Leu Ala Lys Ile Thr Arg Asp Ser Ala Lys Ile Thr Val Glu  
 305 310 315 320  
 Gln Val His Gly Leu Met Ser Gln Val Ile Lys Asp Ile Leu Phe Asn  
 325 330 335  
 Ser Ala Arg Gln Ser Lys Lys Ser Ala Asp Asp Ser Ser Asp Pro Glu  
 340 345 350  
 Pro Met Ile Thr Ser  
 355

<211> 1394  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1251)

<400> 9

atg gaa aaa cag gcg aag cta acg agg aca cag tcg tcg tta ctc cgg	48
Met Glu Lys Gln Ala Lys Leu Thr Arg Thr Gln Ser Ser Leu Leu Arg	
1 5 10 15	
tca tcg tcg aat ctc cgt tcg tca tat caa agc tta tct tca atc gtc	96
Ser Ser Ser Asn Leu Arg Ser Ser Tyr Gln Ser Leu Ser Ser Ile Val	
20 25 30	
gaa ggc gag caa gat cta gaa gcc gga gag aaa gaa gag aaa cag aga	144
Glu Gly Glu Gln Asp Leu Glu Ala Gly Glu Lys Glu Glu Lys Gln Arg	
35 40 45	
aga aaa cca cct aaa cca ttc ggt tca cca aat cct aaa acc ggt tta	192
Arg Lys Pro Pro Lys Pro Phe Gly Ser Pro Asn Pro Lys Thr Gly Leu	
50 55 60	
acc aga atc aat ccc ggt tta gct ttc aca atg gta tct ctc tct ttc	240
Thr Arg Ile Asn Pro Gly Leu Ala Phe Thr Met Val Ser Leu Ser Phe	
65 70 75 80	
cta agt ctc tca tcg ttc ttc ttc ttc gtc gtc ttc tca caa acc gat	288
Leu Ser Leu Ser Ser Phe Phe Phe Phe Val Val Phe Ser Gln Thr Asp	
85 90 95	
gag att ctc aca tcg gag aat ctt tta cta gct tta atc ttc gtc gct	336
Glu Ile Leu Thr Ser Glu Asn Leu Leu Leu Ala Leu Ile Phe Val Ala	
100 105 110	
gta gct ctc ttc ttc gct tcc aag aac atc tct cta cta aac caa acc	384
Val Ala Leu Phe Phe Ala Ser Lys Asn Ile Ser Leu Leu Asn Gln Thr	
115 120 125	
gta atc gca atc aaa aac tta ggg ttc caa aac aga gac tcg aaa tca	432
Val Ile Ala Ile Lys Asn Leu Gly Phe Gln Asn Arg Asp Ser Lys Ser	
130 135 140	
aaa ccg gta caa tgg tac atc gga gac gat tca aaa ccg gag aag aag	480
Lys Pro Val Gln Trp Tyr Ile Gly Asp Asp Ser Lys Pro Glu Lys Lys	
145 150 155 160	
gta atc aag aga ttc gtt aaa gaa gga gtt caa ttc tac agt aat gga	528
Val Ile Lys Arg Phe Val Lys Glu Gly Val Gln Phe Tyr Ser Asn Gly	
165 170 175	
gat ttc tac gaa ggt gaa ttt aac aaa ggg aag tgt aac gga agt ggt	576
Asp Phe Tyr Glu Gly Glu Phe Asn Lys Gly Lys Cys Asn Gly Ser Gly	
180 185 190	
gtg tat tac tat ttc gtg aga gga cgt tat gaa gga gat tgg cta gat	624
Val Tyr Tyr Tyr Phe Val Arg Gly Arg Tyr Glu Gly Asp Trp Leu Asp	
195 200 205	

ggg aga tat gat ggt cat ggg att gag agt tgg gct aga gga agt aga 672  
 Gly Arg Tyr Asp Gly His Gly Ile Glu Ser Trp Ala Arg Gly Ser Arg  
 210 215 220

tat aaa ggt caa tat agg caa ggt ctt aga cat ggt ttt ggt gtt tat 720  
 Tyr Lys Gly Gln Tyr Arg Gln Gly Leu Arg His Gly Phe Gly Val Tyr  
 225 230 235 240

aga ttc tac act ggt gat tgt tat gct ggt gag tgg ttt aat ggt caa 768  
 Arg Phe Tyr Thr Gly Asp Cys Tyr Ala Gly Glu Trp Phe Asn Gly Gln  
 245 250 255

agc cat ggt ttt ggt gtt caa tct tgt tct gat ggt agc tct tac ctt 816  
 Ser His Gly Phe Gly Val Gln Ser Cys Ser Asp Gly Ser Ser Tyr Leu  
 260 265 270

ggt gag tct aga ttt ggt gtt aag cat ggt ctt ggt tct tac cat ttc 864  
 Gly Glu Ser Arg Phe Gly Val Lys His Gly Leu Gly Ser Tyr His Phe  
 275 280 285

aga aat gga gat aag tat gca gga gag tac ttt gga gac aag att cat 912  
 Arg Asn Gly Asp Lys Tyr Ala Gly Glu Tyr Phe Gly Asp Lys Ile His  
 290 295 300

ggg ttt ggt gtg tat cga ttt gct aat gga cac tgt tat gaa gga gca 960  
 Gly Phe Gly Val Tyr Arg Phe Ala Asn Gly His Cys Tyr Glu Gly Ala  
 305 310 315 320

tgg cat gaa ggt cgt aag caa ggg ttt ggt gct tac tcg ttt aga aat 1008  
 Trp His Glu Gly Arg Lys Gln Gly Phe Gly Ala Tyr Ser Phe Arg Asn  
 325 330 335

ggt gat gct aaa tct ggt gaa tgg gat tca ggg gtt ctt gtg act tca 1056  
 Gly Asp Ala Lys Ser Gly Glu Trp Asp Ser Gly Val Leu Val Thr Ser  
 340 345 350

ctt cct ctt acg agt gag cca gtt tca aga gct gtt cag gcg gct cga 1104  
 Leu Pro Leu Thr Ser Glu Pro Val Ser Arg Ala Val Gln Ala Ala Arg  
 355 360 365

gaa aca gcg aat aag gca gtg aat cgg aga cga gta gat gag cag gtg 1152  
 Glu Thr Ala Asn Lys Ala Val Asn Arg Arg Arg Val Asp Glu Gln Val  
 370 375 380

agc cga gct gtg gct gca gct aat aag gct gct acg gct gca aga gtg 1200  
 Ser Arg Ala Val Ala Ala Ala Asn Lys Ala Ala Thr Ala Ala Arg Val  
 385 390 395 400

gct gct gtg aga gcc gtt cag aat caa atg gat ggt aaa ttt tgt caa 1248  
 Ala Ala Val Arg Ala Val Gln Asn Gln Met Asp Gly Lys Phe Cys Gln  
 405 410 415

agt tgaaaaaagg aaaatgtaaa aaatcttttt tttaccggt ttctctgtaa 1301  
 Ser

ccctgaatcg aaagtttggt tcagagggtt gtaacagaga gttaattttc gatcttttta 1361

ctaatgtaac aaaactgtaa atagttgaag aag 1394



&lt;211&gt; 417

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 10

```

Met Glu Lys Gln Ala Lys Leu Thr Arg Thr Gln Ser Ser Leu Leu Arg
 1           5           10           15

Ser Ser Ser Asn Leu Arg Ser Ser Tyr Gln Ser Leu Ser Ser Ile Val
          20           25           30

Glu Gly Glu Gln Asp Leu Glu Ala Gly Glu Lys Glu Glu Lys Gln Arg
      35           40           45

Arg Lys Pro Pro Lys Pro Phe Gly Ser Pro Asn Pro Lys Thr Gly Leu
 50           55           60

Thr Arg Ile Asn Pro Gly Leu Ala Phe Thr Met Val Ser Leu Ser Phe
 65           70           75           80

Leu Ser Leu Ser Ser Phe Phe Phe Phe Val Val Phe Ser Gln Thr Asp
          85           90           95

Glu Ile Leu Thr Ser Glu Asn Leu Leu Leu Ala Leu Ile Phe Val Ala
 100           105           110

Val Ala Leu Phe Phe Ala Ser Lys Asn Ile Ser Leu Leu Asn Gln Thr
 115           120           125

Val Ile Ala Ile Lys Asn Leu Gly Phe Gln Asn Arg Asp Ser Lys Ser
 130           135           140

Lys Pro Val Gln Trp Tyr Ile Gly Asp Asp Ser Lys Pro Glu Lys Lys
 145           150           155           160

Val Ile Lys Arg Phe Val Lys Glu Gly Val Gln Phe Tyr Ser Asn Gly
          165           170           175

Asp Phe Tyr Glu Gly Glu Phe Asn Lys Gly Lys Cys Asn Gly Ser Gly
 180           185           190

Val Tyr Tyr Tyr Phe Val Arg Gly Arg Tyr Glu Gly Asp Trp Leu Asp
 195           200           205

Gly Arg Tyr Asp Gly His Gly Ile Glu Ser Trp Ala Arg Gly Ser Arg
 210           215           220

Tyr Lys Gly Gln Tyr Arg Gln Gly Leu Arg His Gly Phe Gly Val Tyr
 225           230           235           240

Arg Phe Tyr Thr Gly Asp Cys Tyr Ala Gly Glu Trp Phe Asn Gly Gln
          245           250           255

Ser His Gly Phe Gly Val Gln Ser Cys Ser Asp Gly Ser Ser Tyr Leu
          260           265           270

Gly Glu Ser Arg Phe Gly Val Lys His Gly Leu Gly Ser Tyr His Phe
 275           280           285

Arg Asn Gly Asp Lys Tyr Ala Gly Glu Tyr Phe Gly Asp Lys Ile His
 290           295           300

```

Gly Phe Gly Val Tyr Arg Phe Ala Asn Gly His Cys Tyr Glu Gly Ala  
 305 310 315 320  
 Trp His Glu Gly Arg Lys Gln Gly Phe Gly Ala Tyr Ser Phe Arg Asn  
 325 330 335  
 Gly Asp Ala Lys Ser Gly Glu Trp Asp Ser Gly Val Leu Val Thr Ser  
 340 345 350  
 Leu Pro Leu Thr Ser Glu Pro Val Ser Arg Ala Val Gln Ala Ala Arg  
 355 360 365  
 Glu Thr Ala Asn Lys Ala Val Asn Arg Arg Arg Val Asp Glu Gln Val  
 370 375 380  
 Ser Arg Ala Val Ala Ala Ala Asn Lys Ala Ala Thr Ala Ala Arg Val  
 385 390 395 400  
 Ala Ala Val Arg Ala Val Gln Asn Gln Met Asp Gly Lys Phe Cys Gln  
 405 410 415  
 Ser

<210> 11  
 <211> 696  
 <212> ADN  
 <213> Nicotiana benthamiana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(696)

<400> 11  
 gag aaa atg aag aag gaa aga tct gat gta tgg ctg cag gac ttc aaa 48  
 Glu Lys Met Lys Lys Glu Arg Ser Asp Val Trp Leu Gln Asp Phe Lys  
 1 5 10 15  
 gat tgg ata aat gac tct tct gac aat ttt gtt ggt ctt gct aga ggc 96  
 Asp Trp Ile Asn Asp Ser Ser Asp Asn Phe Val Gly Leu Ala Arg Gly  
 20 25 30  
 aaa gag act gtt tcc ggt aac cac aga gat gac gaa ctt aag acc cag 144  
 Lys Glu Thr Val Ser Gly Asn His Arg Asp Asp Glu Leu Lys Thr Gln  
 35 40 45  
 aat aga gag aaa cag ctc gga gag acc tca aaa tat tta tcc gac tct 192  
 Asn Arg Glu Lys Gln Leu Gly Glu Thr Ser Lys Tyr Leu Ser Asp Ser  
 50 55 60  
 atg ctg gct tct gga gat gac agc agc aca aat ata cta gaa tct gat 240  
 Met Leu Ala Ser Gly Asp Asp Ser Ser Thr Asn Ile Leu Glu Ser Asp  
 65 70 75 80  
 aac tca ttt gca gag acg tct gct aat atc aat atg ctt cag tac ccc 288  
 Asn Ser Phe Ala Glu Thr Ser Ala Asn Ile Asn Met Leu Gln Tyr Pro  
 85 90 95

aac caa att ggt gaa gca gct tcc aaa atc ttc cgc aat aac aca gga 336  
 Asn Gln Ile Gly Glu Ala Ala Ser Lys Ile Phe Arg Asn Asn Thr Gly  
 100 105 110  
 gac tcc att gag att act aga agc cga cat cag gat agt ttt aga cct 384  
 Asp Ser Ile Glu Ile Thr Arg Ser Arg His Gln Asp Ser Phe Arg Pro  
 115 120 125  
 ata aat aat gaa gtg cgt cta cat cca act acg ata ctc cca caa tct 432  
 Ile Asn Asn Glu Val Arg Leu His Pro Thr Thr Ile Leu Pro Gln Ser  
 130 135 140  
 gga tcc ttc tca att caa ggt gtt aaa atg agc gcc aag atc aat att 480  
 Gly Ser Phe Ser Ile Gln Gly Val Lys Met Ser Ala Lys Ile Asn Ile  
 145 150 155 160  
 cca cca ctt act gat act gat aat att ttg gat ttt caa tca tcc ttg 528  
 Pro Pro Leu Thr Asp Thr Asp Asn Ile Leu Asp Phe Gln Ser Ser Leu  
 165 170 175  
 gct agc aca gga tca cct cct cat tac aag gag gat atc ctg cat cga 576  
 Ala Ser Thr Gly Ser Pro Pro His Tyr Lys Glu Asp Ile Leu His Arg  
 180 185 190  
 cgc caa aac ttg gaa gaa gaa ttc ctg cag ctg tcc gct gag tcc ttc 624  
 Arg Gln Asn Leu Glu Glu Glu Phe Leu Gln Leu Ser Ala Glu Ser Phe  
 195 200 205  
 tca gtt gca tct tct gat gga gat acg agc tgc agt gat gat gaa tac 672  
 Ser Val Ala Ser Ser Asp Gly Asp Thr Ser Cys Ser Asp Asp Glu Tyr  
 210 215 220  
 cct gaa ttg acc tca atg tcc ctg 696  
 Pro Glu Leu Thr Ser Met Ser Leu  
 225 230

<210> 12  
 <211> 232  
 <212> PRT  
 <213> Nicotiana benthamiana

<400> 12  
 Glu Lys Met Lys Lys Glu Arg Ser Asp Val Trp Leu Gln Asp Phe Lys  
 1 5 10 15  
 Asp Trp Ile Asn Asp Ser Ser Asp Asn Phe Val Gly Leu Ala Arg Gly  
 20 25 30  
 Lys Glu Thr Val Ser Gly Asn His Arg Asp Asp Glu Leu Lys Thr Gln  
 35 40 45  
 Asn Arg Glu Lys Gln Leu Gly Glu Thr Ser Lys Tyr Leu Ser Asp Ser  
 50 55 60  
 Met Leu Ala Ser Gly Asp Asp Ser Ser Thr Asn Ile Leu Glu Ser Asp  
 65 70 75 80  
 Asn Ser Phe Ala Glu Thr Ser Ala Asn Ile Asn Met Leu Gln Tyr Pro  
 85 90 95

Asn Gln Ile Gly Glu Ala Ala Ser Lys Ile Phe Arg Asn Asn Thr Gly  
 100 105 110  
 Asp Ser Ile Glu Ile Thr Arg Ser Arg His Gln Asp Ser Phe Arg Pro  
 115 120 125  
 Ile Asn Asn Glu Val Arg Leu His Pro Thr Thr Ile Leu Pro Gln Ser  
 130 135 140  
 Gly Ser Phe Ser Ile Gln Gly Val Lys Met Ser Ala Lys Ile Asn Ile  
 145 150 155 160  
 Pro Pro Leu Thr Asp Thr Asp Asn Ile Leu Asp Phe Gln Ser Ser Leu  
 165 170 175  
 Ala Ser Thr Gly Ser Pro Pro His Tyr Lys Glu Asp Ile Leu His Arg  
 180 185 190  
 Arg Gln Asn Leu Glu Glu Glu Phe Leu Gln Leu Ser Ala Glu Ser Phe  
 195 200 205  
 Ser Val Ala Ser Ser Asp Gly Asp Thr Ser Cys Ser Asp Asp Glu Tyr  
 210 215 220  
 Pro Glu Leu Thr Ser Met Ser Leu  
 225 230

<210> 13  
 <211> 925  
 <212> ADN  
 <213> Lycopersicon esculentum

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(792)

<400> 13  
 atg ttg gaa cta cgt ctt gtt cag gga agt ctg ctg aag aaa gtt cta 48  
 Met Leu Glu Leu Arg Leu Val Gln Gly Ser Leu Leu Lys Lys Val Leu  
 1 5 10 15  
 gaa tcg att aag gat ctg gtg aac gat gcg aac ttt gat tgt tcc gcc 96  
 Glu Ser Ile Lys Asp Leu Val Asn Asp Ala Asn Phe Asp Cys Ser Ala  
 20 25 30  
 act gga ttc tct ctg caa gcc atg gac tcc agt cac gtg gct ctg gtg 144  
 Thr Gly Phe Ser Leu Gln Ala Met Asp Ser Ser His Val Ala Leu Val  
 35 40 45  
 gcg ctg ctg ctc cga tct gag ggt ttt gag cac tat cgt tgt gac cgg 192  
 Ala Leu Leu Leu Arg Ser Glu Gly Phe Glu His Tyr Arg Cys Asp Arg  
 50 55 60  
 aac att tca atg ggc atg aac ctt act aac atg gcg aaa atg ctc aaa 240  
 Asn Ile Ser Met Gly Met Asn Leu Thr Asn Met Ala Lys Met Leu Lys  
 65 70 75 80

tgt gct gga aat gat gac atc atc acc atc aag gct gac gat ggc agt 288  
 Cys Ala Gly Asn Asp Asp Ile Ile Thr Ile Lys Ala Asp Asp Gly Ser  
                     85                    90                    95

gac acc gtc act ttc atg ttt gaa agc ccc acc caa gac aag att gct 336  
 Asp Thr Val Thr Phe Met Phe Glu Ser Pro Thr Gln Asp Lys Ile Ala  
                     100                    105                    110

gat ttt gag atg aag cta atg gac att gac agt gag cat ctt ggg att 384  
 Asp Phe Glu Met Lys Leu Met Asp Ile Asp Ser Glu His Leu Gly Ile  
                     115                    120                    125

cct gaa gca gag tac cat gct att gtt aga atg cct tct gct gag ttt 432  
 Pro Glu Ala Glu Tyr His Ala Ile Val Arg Met Pro Ser Ala Glu Phe  
                     130                    135                    140

ggt aga att tgc aaa gac ctt agc agc att gga gat aca gtt gtt att 480  
 Gly Arg Ile Cys Lys Asp Leu Ser Ser Ile Gly Asp Thr Val Val Ile  
                     145                    150                    155                    160

tcg gtg act aag gaa ggt gtg aaa ttc tca acc aga ggt gac att ggt 528  
 Ser Val Thr Lys Glu Gly Val Lys Phe Ser Thr Arg Gly Asp Ile Gly  
                     165                    170                    175

act gct aat att gtt tgc agg caa aat aca act gtt gac aag cct gaa 576  
 Thr Ala Asn Ile Val Cys Arg Gln Asn Thr Thr Val Asp Lys Pro Glu  
                     180                    185                    190

gaa gcc act gtt ata gag atg aat gaa cca gtg tca ttg aca ttt gcc 624  
 Glu Ala Thr Val Ile Glu Met Asn Glu Pro Val Ser Leu Thr Phe Ala  
                     195                    200                    205

cta aga tac ttg aac tcc ttt aca aaa gca tct cca ttg tcg aac aca 672  
 Leu Arg Tyr Leu Asn Ser Phe Thr Lys Ala Ser Pro Leu Ser Asn Thr  
                     210                    215                    220

gtg acc atc agc ttg tct tca gag ctt cct gtt gtt gtt gag tac aag 720  
 Val Thr Ile Ser Leu Ser Ser Glu Leu Pro Val Val Val Glu Tyr Lys  
                     225                    230                    235                    240

att gct gag atg ggt tat gta agg tat tac ctg gca cct aag ata gaa 768  
 Ile Ala Glu Met Gly Tyr Val Arg Tyr Tyr Leu Ala Pro Lys Ile Glu  
                     245                    250                    255

gag gat gaa gag gaa acc aag cct tgattttatg tttttgtttt cttatggtgt 822  
 Glu Asp Glu Glu Glu Thr Lys Pro  
                     260

aagctcattt gagtctttca ggcaagcaat atgtagcttt agcttagact ggcaagacaa 882

attttcaaatt ttgtgtctaa tgaaatcatg tattttcctc ttt 925

&lt;210&gt; 14

&lt;211&gt; 264

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Lycopersicon esculentum

&lt;400&gt; 14

Met Leu Glu Leu Arg Leu Val Gln Gly Ser Leu Leu Lys Lys Val Leu  
           1                    5                    10                    15

Glu Ser Ile Lys Asp Leu Val Asn Asp Ala Asn Phe Asp Cys Ser Ala  
                   20                  25                  30  
 Thr Gly Phe Ser Leu Gln Ala Met Asp Ser Ser His Val Ala Leu Val  
           35                  40                  45  
 Ala Leu Leu Leu Arg Ser Glu Gly Phe Glu His Tyr Arg Cys Asp Arg  
           50                  55                  60  
 Asn Ile Ser Met Gly Met Asn Leu Thr Asn Met Ala Lys Met Leu Lys  
           65                  70                  75                  80  
 Cys Ala Gly Asn Asp Asp Ile Ile Thr Ile Lys Ala Asp Asp Gly Ser  
                   85                  90                  95  
 Asp Thr Val Thr Phe Met Phe Glu Ser Pro Thr Gln Asp Lys Ile Ala  
           100                  105                  110  
 Asp Phe Glu Met Lys Leu Met Asp Ile Asp Ser Glu His Leu Gly Ile  
           115                  120                  125  
 Pro Glu Ala Glu Tyr His Ala Ile Val Arg Met Pro Ser Ala Glu Phe  
           130                  135                  140  
 Gly Arg Ile Cys Lys Asp Leu Ser Ser Ile Gly Asp Thr Val Val Ile  
           145                  150                  155                  160  
 Ser Val Thr Lys Glu Gly Val Lys Phe Ser Thr Arg Gly Asp Ile Gly  
                   165                  170                  175  
 Thr Ala Asn Ile Val Cys Arg Gln Asn Thr Thr Val Asp Lys Pro Glu  
           180                  185                  190  
 Glu Ala Thr Val Ile Glu Met Asn Glu Pro Val Ser Leu Thr Phe Ala  
           195                  200                  205  
 Leu Arg Tyr Leu Asn Ser Phe Thr Lys Ala Ser Pro Leu Ser Asn Thr  
           210                  215                  220  
 Val Thr Ile Ser Leu Ser Ser Glu Leu Pro Val Val Val Glu Tyr Lys  
           225                  230                  235                  240  
 Ile Ala Glu Met Gly Tyr Val Arg Tyr Tyr Leu Ala Pro Lys Ile Glu  
                   245                  250                  255  
 Glu Asp Glu Glu Glu Thr Lys Pro  
           260

<210> 15  
 <211> 617  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(462)

<400> 15

aag att gct gat ttt gag atg aag ttg atg gat ata gac agt gaa cat 48  
Lys Ile Ala Asp Phe Glu Met Lys Leu Met Asp Ile Asp Ser Glu His  
1 5 10 15  
ctg gga ata cct gat gct gag tac cac tca atc gtg agg atg cct tcc 96  
Leu Gly Ile Pro Asp Ala Glu Tyr His Ser Ile Val Arg Met Pro Ser  
20 25 30  
aat gag ttt tcc agg att tgc aaa gat ctc agt agc att ggt gac aca 144  
Asn Glu Phe Ser Arg Ile Cys Lys Asp Leu Ser Ser Ile Gly Asp Thr  
35 40 45  
gtt gtg atc tct gtg act aaa gaa ggc gtg aag ttt tct act gcc ggt 192  
Val Val Ile Ser Val Thr Lys Glu Gly Val Lys Phe Ser Thr Ala Gly  
50 55 60  
gac att gga acc gct aac att gtg ctc agg cag aac aca act gta gac 240  
Asp Ile Gly Thr Ala Asn Ile Val Leu Arg Gln Asn Thr Thr Val Asp  
65 70 75 80  
aag ccg gaa gat gca att gtg ata gag atg aag gag cca gtg tct ctc 288  
Lys Pro Glu Asp Ala Ile Val Ile Glu Met Lys Glu Pro Val Ser Leu  
85 90 95  
tca ttt gcc ctg agg tac atg aat tcc ttc aca aag gca act cca ttg 336  
Ser Phe Ala Leu Arg Tyr Met Asn Ser Phe Thr Lys Ala Thr Pro Leu  
100 105 110  
tca gac aca gtg aca atc agc tta tgc tgc gag ttg cca gtg gtt gtg 384  
Ser Asp Thr Val Thr Ile Ser Leu Ser Ser Glu Leu Pro Val Val Val  
115 120 125  
gag tat aag gtt gct gag atg ggt tac att cgt tac tac ttg gct cct 432  
Glu Tyr Lys Val Ala Glu Met Gly Tyr Ile Arg Tyr Tyr Leu Ala Pro  
130 135 140  
aag att gaa gaa gaa gaa gac act aat ccc tagaccctt ttatatccac 482  
Lys Ile Glu Glu Glu Glu Asp Thr Asn Pro  
145 150  
aatttctctt cattctaataa tgttgaagat ttattgacaa tgttggtgtt tttttttggt 542  
gagattcctt tgtatccccc ctctagaatc agttgttttc ttgacttatt atgttttatg 602  
ataacaaagt tcagc 617

<210> 16  
<211> 154  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 16  
Lys Ile Ala Asp Phe Glu Met Lys Leu Met Asp Ile Asp Ser Glu His  
1 5 10 15  
Leu Gly Ile Pro Asp Ala Glu Tyr His Ser Ile Val Arg Met Pro Ser  
20 25 30  
Asn Glu Phe Ser Arg Ile Cys Lys Asp Leu Ser Ser Ile Gly Asp Thr  
35 40 45

Val Val Ile Ser Val Thr Lys Glu Gly Val Lys Phe Ser Thr Ala Gly  
 50 55 60

Asp Ile Gly Thr Ala Asn Ile Val Leu Arg Gln Asn Thr Thr Val Asp  
 65 70 75 80

Lys Pro Glu Asp Ala Ile Val Ile Glu Met Lys Glu Pro Val Ser Leu  
 85 90 95

Ser Phe Ala Leu Arg Tyr Met Asn Ser Phe Thr Lys Ala Thr Pro Leu  
 100 105 110

Ser Asp Thr Val Thr Ile Ser Leu Ser Ser Glu Leu Pro Val Val Val  
 115 120 125

Glu Tyr Lys Val Ala Glu Met Gly Tyr Ile Arg Tyr Tyr Leu Ala Pro  
 130 135 140

Lys Ile Glu Glu Glu Glu Asp Thr Asn Pro  
 145 150

<210> 17  
 <211> 848  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(615)

<400> 17  
 tta ccc caa gtc cag att gca acc ggt gaa aat ccc gaa att ctt ttc 48  
 Leu Pro Gln Val Gln Ile Ala Thr Gly Glu Asn Pro Glu Ile Leu Phe  
 1 5 10 15

aag acc cat ccc aac atc aac cga gat atg ttc aat aat gag aat att 96  
 Lys Thr His Pro Asn Ile Asn Arg Asp Met Phe Asn Asn Glu Asn Ile  
 20 25 30

cta ggg ctg aag aga cct gat cag cca ttt ccc act ggt caa ggt gga 144  
 Leu Gly Leu Lys Arg Pro Asp Gln Pro Phe Pro Thr Gly Gln Gly Gly  
 35 40 45

gat ggt gtt ggt ctt ctc agg tgg aga atg caa aga gca gac gag tct 192  
 Asp Gly Val Gly Leu Leu Arg Trp Arg Met Gln Arg Ala Asp Glu Ser  
 50 55 60

atg gtg cca cta aca ata aac tgc tgg cct tca gtc tct gga aac gag 240  
 Met Val Pro Leu Thr Ile Asn Cys Trp Pro Ser Val Ser Gly Asn Glu  
 65 70 75 80

aca tat gtc agc ctc gag tac gaa gcc tcg tcc atg ttt gat ctg act 288  
 Thr Tyr Val Ser Leu Glu Tyr Glu Ala Ser Ser Met Phe Asp Leu Thr  
 85 90 95

aat gtc atc atc tcc gta cca ctt cct gct ctg aga gag gca cca agc 336  
 Asn Val Ile Ile Ser Val Pro Leu Pro Ala Leu Arg Glu Ala Pro Ser  
 100 105 110



gtt aga caa tgc gat ggg gag tgg agg tac gac cca aga aat tct gtt 384  
 Val Arg Gln Cys Asp Gly Glu Trp Arg Tyr Asp Pro Arg Asn Ser Val  
 115 120 125  
 ctg gaa tgg tct ata cta ctt att gac aac tcc aac cgc agt ggc tca 432  
 Leu Glu Trp Ser Ile Leu Leu Ile Asp Asn Ser Asn Arg Ser Gly Ser  
 130 135 140  
 atg gag ttt gtt gtg cct cca gtg gat tca tgc gtg ttc ttc ccc atc 480  
 Met Glu Phe Val Val Pro Pro Val Asp Ser Ser Val Phe Phe Pro Ile  
 145 150 155 160  
 tct gtt cag ttt gca gcg aca agt acc tac agt ggc ttg aag gtg act 528  
 Ser Val Gln Phe Ala Ala Thr Ser Thr Tyr Ser Gly Leu Lys Val Thr  
 165 170 175  
 gga atg att cct ctg aga gga ggt ggt ggt gcg act cct agg ttt gtg 576  
 Gly Met Ile Pro Leu Arg Gly Gly Gly Gly Ala Thr Pro Arg Phe Val  
 180 185 190  
 cag agg acg cag ctg att gcc cag aac tat caa gtc ata tgaaacactc 622  
 Gln Arg Thr Gln Leu Ile Ala Gln Asn Tyr Gln Val Ile  
 195 200  
 ctttgggggc atcggktgtt ttttaatttct tctatactat ctggtgttg atttcgctct 685  
 ttttttttga tgccaaaagt acaatcttaa ttttctcgga ttttgctagg atatttcttt 745  
 ctcaacttaa ttctaagaca ttatacatat tcatatcttc tttttttacc aacttctttt 805  
 tcaatgtttt aaggatacaa gtacgattta caatcgtttt ttt 848

<210> 18  
 <211> 204  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 18  
 Leu Pro Gln Val Gln Ile Ala Thr Gly Glu Asn Pro Glu Ile Leu Phe  
 1 5 10 15  
 Lys Thr His Pro Asn Ile Asn Arg Asp Met Phe Asn Asn Glu Asn Ile  
 20 25 30  
 Leu Gly Leu Lys Arg Pro Asp Gln Pro Phe Pro Thr Gly Gln Gly Gly  
 35 40 45  
 Asp Gly Val Gly Leu Leu Arg Trp Arg Met Gln Arg Ala Asp Glu Ser  
 50 55 60  
 Met Val Pro Leu Thr Ile Asn Cys Trp Pro Ser Val Ser Gly Asn Glu  
 65 70 75 80  
 Thr Tyr Val Ser Leu Glu Tyr Glu Ala Ser Ser Met Phe Asp Leu Thr  
 85 90 95  
 Asn Val Ile Ile Ser Val Pro Leu Pro Ala Leu Arg Glu Ala Pro Ser  
 100 105 110

Val Arg Gln Cys Asp Gly Glu Trp Arg Tyr Asp Pro Arg Asn Ser Val  
 115 120 125

Leu Glu Trp Ser Ile Leu Leu Ile Asp Asn Ser Asn Arg Ser Gly Ser  
 130 135 140

Met Glu Phe Val Val Pro Pro Val Asp Ser Ser Val Phe Phe Pro Ile  
 145 150 155 160

Ser Val Gln Phe Ala Ala Thr Ser Thr Tyr Ser Gly Leu Lys Val Thr  
 165 170 175

Gly Met Ile Pro Leu Arg Gly Gly Gly Gly Ala Thr Pro Arg Phe Val  
 180 185 190

Gln Arg Thr Gln Leu Ile Ala Gln Asn Tyr Gln Val  
 195 200

<210> 19  
 <211> 525  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(522)

<400> 19  
 atg aag gaa gac gca gga aac cct ttg cat ctc acg tca ctg aac cat 48  
 Met Lys Glu Asp Ala Gly Asn Pro Leu His Leu Thr Ser Leu Asn His  
 1 5 10 15

gtc tct gtc ttg tgc cga tcc gtc gac gaa tct atg aat ttt tac caa 96  
 Val Ser Val Leu Cys Arg Ser Val Asp Glu Ser Met Asn Phe Tyr Gln  
 20 25 30

aag gtg tta ggg ttc atc ccg ata cga aga cct gaa tcc tta aat ttt 144  
 Lys Val Leu Gly Phe Ile Pro Ile Arg Arg Pro Glu Ser Leu Asn Phe  
 35 40 45

gaa ggc gct tgg ttg ttt ggt cac ggg att gga ata cac ctc ctg tgt 192  
 Glu Gly Ala Trp Leu Phe Gly His Gly Ile Gly Ile His Leu Leu Cys  
 50 55 60

gcc cca gaa cca gag aaa ctt ccc aag aaa act gcg att aat ccc aag 240  
 Ala Pro Glu Pro Glu Lys Leu Pro Lys Lys Thr Ala Ile Asn Pro Lys  
 65 70 75 80

gat aat cac atc tct ttc cag tgt gag agt atg gga gta gtg gag aag 288  
 Asp Asn His Ile Ser Phe Gln Cys Glu Ser Met Gly Val Val Glu Lys  
 85 90 95

aag ctg gag gaa atg ggg ata gat tat gta agg gca tta gta gaa gaa 336  
 Lys Leu Glu Glu Met Gly Ile Asp Tyr Val Arg Ala Leu Val Glu Glu  
 100 105 110

gga ggg atc caa gtg gac cag ctc ttc ttc cat gac cct gat ggc ttc 384  
 Gly Gly Ile Gln Val Asp Gln Leu Phe Phe His Asp Pro Asp Gly Phe  
 115 120 125

atg atc gag att tgc aac tgc gat agc ctc ccc gta gtc ccc ctc gta 432  
 Met Ile Glu Ile Cys Asn Cys Asp Ser Leu Pro Val Val Pro Leu Val  
 130 135 140

gga gaa atg gct cgg tcc tgc tca aga gtc aaa ctc cac cag atg gtg 480  
 Gly Glu Met Ala Arg Ser Cys Ser Arg Val Lys Leu His Gln Met Val  
 145 150 155 160

cag cca caa ccg cag act cag atc cac caa gtg gtc tac cct taa 525  
 Gln Pro Gln Pro Gln Thr Gln Ile His Gln Val Val Tyr Pro  
 165 170

<210> 20  
 <211> 174  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 20  
 Met Lys Glu Asp Ala Gly Asn Pro Leu His Leu Thr Ser Leu Asn His  
 1 5 10 15

Val Ser Val Leu Cys Arg Ser Val Asp Glu Ser Met Asn Phe Tyr Gln  
 20 25 30

Lys Val Leu Gly Phe Ile Pro Ile Arg Arg Pro Glu Ser Leu Asn Phe  
 35 40 45

Glu Gly Ala Trp Leu Phe Gly His Gly Ile Gly Ile His Leu Leu Cys  
 50 55 60

Ala Pro Glu Pro Glu Lys Leu Pro Lys Lys Thr Ala Ile Asn Pro Lys  
 65 70 75 80

Asp Asn His Ile Ser Phe Gln Cys Glu Ser Met Gly Val Val Glu Lys  
 85 90 95

Lys Leu Glu Glu Met Gly Ile Asp Tyr Val Arg Ala Leu Val Glu Glu  
 100 105 110

Gly Gly Ile Gln Val Asp Gln Leu Phe Phe His Asp Pro Asp Gly Phe  
 115 120 125

Met Ile Glu Ile Cys Asn Cys Asp Ser Leu Pro Val Val Pro Leu Val  
 130 135 140

Gly Glu Met Ala Arg Ser Cys Ser Arg Val Lys Leu His Gln Met Val  
 145 150 155 160

Gln Pro Gln Pro Gln Thr Gln Ile His Gln Val Val Tyr Pro  
 165 170

<210> 21  
 <211> 313  
 <212> ADN  
 <213> Nicotiana benthamiana

<220>

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(312)

&lt;400&gt; 21

```

cgt gag att tat gat cag tat ggt gaa gat gca ctt aag gaa gga atg      48
Arg Glu Ile Tyr Asp Gln Tyr Gly Glu Asp Ala Leu Lys Glu Gly Met
  1              5              10              15

ggt ggt gga ggt ggg gca cat gac cca ttt gac ata ttc cag tca ttc      96
Gly Gly Gly Gly Gly Ala His Asp Pro Phe Asp Ile Phe Gln Ser Phe
              20              25              30

ttt ggt ggc ggt gga ttt ggc ggt ggt gga agc agc aga gga aga agg      144
Phe Gly Gly Gly Gly Phe Gly Gly Gly Gly Ser Ser Arg Gly Arg Arg
              35              40              45

cag agg aaa ggg gag gat gtt gtc cac cct ctc aag gtt tct ttg gag      192
Gln Arg Lys Gly Glu Asp Val Val His Pro Leu Lys Val Ser Leu Glu
              50              55              60

gat ctc tac agt ggg aca tca aag aag cta tct cta tct cgc aat gtg      240
Asp Leu Tyr Ser Gly Thr Ser Lys Lys Leu Ser Leu Ser Arg Asn Val
              65              70              75              80

ttg tgc tca aag tgc aag gga gtt ggg tct aaa tca ggt gct tca atg      288
Leu Cys Ser Lys Cys Lys Gly Val Gly Ser Lys Ser Gly Ala Ser Met
              85              90              95

aaa tgt tcg gcc tgt caa ggg ttt g      313
Lys Cys Ser Ala Cys Gln Gly Phe
              100

```

&lt;210&gt; 22

&lt;211&gt; 104

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Nicotiana benthamiana

&lt;400&gt; 22

```

Arg Glu Ile Tyr Asp Gln Tyr Gly Glu Asp Ala Leu Lys Glu Gly Met
  1              5              10              15

Gly Gly Gly Gly Gly Ala His Asp Pro Phe Asp Ile Phe Gln Ser Phe
              20              25              30

Phe Gly Gly Gly Gly Phe Gly Gly Gly Gly Ser Ser Arg Gly Arg Arg
              35              40              45

Gln Arg Lys Gly Glu Asp Val Val His Pro Leu Lys Val Ser Leu Glu
              50              55              60

Asp Leu Tyr Ser Gly Thr Ser Lys Lys Leu Ser Leu Ser Arg Asn Val
              65              70              75              80

Leu Cys Ser Lys Cys Lys Gly Val Gly Ser Lys Ser Gly Ala Ser Met
              85              90              95

Lys Cys Ser Ala Cys Gln Gly Phe
              100

```

<210> 23  
 <211> 764  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(477)

<400> 23  
 aac att cct gat gtc gtt gtt ttc cct agg tcc gaa gaa gaa gtc tcc 48  
 Asn Ile Pro Asp Val Val Val Phe Pro Arg Ser Glu Glu Glu Val Ser  
 1 5 10 15

aag att ctt aaa tcc tgc aat gaa tat aag gtt cct att gta cca tat 96  
 Lys Ile Leu Lys Ser Cys Asn Glu Tyr Lys Val Pro Ile Val Pro Tyr  
 20 25 30

ggt ggg gca aca tgc atc gag ggt cat acc ctt gct cca aaa gga ggt 144  
 Gly Gly Ala Thr Ser Ile Glu Gly His Thr Leu Ala Pro Lys Gly Gly  
 35 40 45

gtg tgc att gac atg tca tta atg aag agg gtg aaa gca tta cat gtg 192  
 Val Cys Ile Asp Met Ser Leu Met Lys Arg Val Lys Ala Leu His Val  
 50 55 60

gag gat atg gat gtt att gtt gag cct gga att ggt tgg ctg gag ctt 240  
 Glu Asp Met Asp Val Ile Val Glu Pro Gly Ile Gly Trp Leu Glu Leu  
 65 70 75 80

aat gaa tat ttg gaa gag tat ggt cta ttc ttt cct ctt gat cca gga 288  
 Asn Glu Tyr Leu Glu Glu Tyr Gly Leu Phe Phe Pro Leu Asp Pro Gly  
 85 90 95

cct ggt gcc tcc ata gga ggc atg tgt gct acg cgt tgc tct ggc tct 336  
 Pro Gly Ala Ser Ile Gly Gly Met Cys Ala Thr Arg Cys Ser Gly Ser  
 100 105 110

tta gct gta agg tat gga act atg cgt gac aat gtt ata agc ctc aag 384  
 Leu Ala Val Arg Tyr Gly Thr Met Arg Asp Asn Val Ile Ser Leu Lys  
 115 120 125

gtg gtt ctt cct aat gga gat gtt gtg aag aca gca ttc acg tgc cag 432  
 Val Val Leu Pro Asn Gly Asp Val Val Lys Thr Ala Phe Thr Cys Gln  
 130 135 140

aaa gag tgc tgc tgg ata cga ttt gac tgc ctt gat aat tgg gag 477  
 Lys Glu Cys Cys Trp Ile Arg Phe Asp Ser Leu Asp Asn Trp Glu  
 145 150 155

tgagggtact ttaggagtca ttactgagat tactctccga cttcagaaaa tcccacagca 537

ttcagtggtg gcagtttgca atttccctac agttaaggat gctgcagacg tggccattgc 597

cactatgatg tctggaatac aggtgtcaag agtggaactc cttgacgagg ttcaaatcaa 657

gagctattaa tatgggcaaa cgggaaaaat ttgactgaag ctccaactct gatgttcgag 717

tttataggaa cagaggcata tacacgtgaa gcagacgcaa attgttc 764

35

<210> 24  
 <211> 159  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 24  
 Asn Ile Pro Asp Val Val Val Phe Pro Arg Ser Glu Glu Glu Val Ser  
 1 5 10 15  
 Lys Ile Leu Lys Ser Cys Asn Glu Tyr Lys Val Pro Ile Val Pro Tyr  
 20 25 30  
 Gly Gly Ala Thr Ser Ile Glu Gly His Thr Leu Ala Pro Lys Gly Gly  
 35 40 45  
 Val Cys Ile Asp Met Ser Leu Met Lys Arg Val Lys Ala Leu His Val  
 50 55 60  
 Glu Asp Met Asp Val Ile Val Glu Pro Gly Ile Gly Trp Leu Glu Leu  
 65 70 75 80  
 Asn Glu Tyr Leu Glu Glu Tyr Gly Leu Phe Phe Pro Leu Asp Pro Gly  
 85 90 95  
 Pro Gly Ala Ser Ile Gly Gly Met Cys Ala Thr Arg Cys Ser Gly Ser  
 100 105 110  
 Leu Ala Val Arg Tyr Gly Thr Met Arg Asp Asn Val Ile Ser Leu Lys  
 115 120 125  
 Val Val Leu Pro Asn Gly Asp Val Val Lys Thr Ala Phe Thr Cys Gln  
 130 135 140  
 Lys Glu Cys Cys Trp Ile Arg Phe Asp Ser Leu Asp Asn Trp Glu  
 145 150 155

<210> 25  
 <211> 3012  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(3009)

<400> 25  
 atg aaa ctt ttt ctt ctc ctt ctt ttt ctt ctc cac att tct cat acc 48  
 Met Lys Leu Phe Leu Leu Leu Leu Phe Leu Leu His Ile Ser His Thr  
 1 5 10 15  
 ttc acc gca agc cga cca atc tcc gag ttc cgt gct ctc ctc tca ctc 96  
 Phe Thr Ala Ser Arg Pro Ile Ser Glu Phe Arg Ala Leu Leu Ser Leu  
 20 25 30  
 aaa acc tct ctc acc ggc gcc gga gat gac aaa aac tcg cct ctc tct 144  
 Lys Thr Ser Leu Thr Gly Ala Gly Asp Asp Lys Asn Ser Pro Leu Ser  
 35 40 45

tcc tgg aaa gtc tca aca agc ttc tgt aca tgg att ggt gtc acg tgc	192
Ser Trp Lys Val Ser Thr Ser Phe Cys Thr Trp Ile Gly Val Thr Cys	
50 55 60	
gat gta tct cgc cgt cac gtg act tct ctt gat ctc tcc ggt ctc aac	240
Asp Val Ser Arg Arg His Val Thr Ser Leu Asp Leu Ser Gly Leu Asn	
65 70 75 80	
ctc tcc ggt act ctt tcc cca gat gtt tct cat tta cgt ctt ctt cag	288
Leu Ser Gly Thr Leu Ser Pro Asp Val Ser His Leu Arg Leu Leu Gln	
85 90 95	
aat cta tca ctc gct gaa aat cta atc tcc ggt ccg att ccg ccg gaa	336
Asn Leu Ser Leu Ala Glu Asn Leu Ile Ser Gly Pro Ile Pro Pro Glu	
100 105 110	
atc tcg agc ctt tcc ggt ctt cgt cac tta aat ctc tcg aac aat gtc	384
Ile Ser Ser Leu Ser Gly Leu Arg His Leu Asn Leu Ser Asn Asn Val	
115 120 125	
ttc aac ggt tcg ttt ccc gat gag att tct tct gga ttg gtg aat ctc	432
Phe Asn Gly Ser Phe Pro Asp Glu Ile Ser Ser Gly Leu Val Asn Leu	
130 135 140	
cga gtt ctt gat gtc tac aac aac aat cta acc gga gat tta ccg gtt	480
Arg Val Leu Asp Val Tyr Asn Asn Asn Leu Thr Gly Asp Leu Pro Val	
145 150 155 160	
tcc gtc acc aat ctg act cag ctc cgg cac ctt cac ctc ggt ggt aac	528
Ser Val Thr Asn Leu Thr Gln Leu Arg His Leu His Leu Gly Gly Asn	
165 170 175	
tac ttc gct gga aag atc ccg cct tcg tac gga agc tgg cca gtt att	576
Tyr Phe Ala Gly Lys Ile Pro Pro Ser Tyr Gly Ser Trp Pro Val Ile	
180 185 190	
gag tat cta gcg gtt tcc ggc aac gag ctt gtc ggg aaa atc cct cca	624
Glu Tyr Leu Ala Val Ser Gly Asn Glu Leu Val Gly Lys Ile Pro Pro	
195 200 205	
gag atc gga aac cta acg act ctc cgg gag ctt tac atc ggc tac tac	672
Glu Ile Gly Asn Leu Thr Thr Leu Arg Glu Leu Tyr Ile Gly Tyr Tyr	
210 215 220	
aac gct ttc gaa gac ggt ctt cct cca gag atc gga aat cta tcg gag	720
Asn Ala Phe Glu Asp Gly Leu Pro Pro Glu Ile Gly Asn Leu Ser Glu	
225 230 235 240	
cta gtc aga ttc gac gga gct aat tgc gga tta acc ggt gag att ccg	768
Leu Val Arg Phe Asp Gly Ala Asn Cys Gly Leu Thr Gly Glu Ile Pro	
245 250 255	
ccg gag att ggg aag ctt cag aaa ctc gat acg ctt ttc ttg caa gtg	816
Pro Glu Ile Gly Lys Leu Gln Lys Leu Asp Thr Leu Phe Leu Gln Val	
260 265 270	
aat gtc ttc tcc ggt cca tta act tgg gag cta gga acg cta tcg agt	864
Asn Val Phe Ser Gly Pro Leu Thr Trp Glu Leu Gly Thr Leu Ser Ser	
275 280 285	
tta aaa tca ata gat tta tct aac aac ata ttc acc gaa gaa att cca	912

Leu Lys Ser Met Asp Leu Ser Asn Asn Met Phe Thr Gly Glu Ile Pro	
290 295 300	
gcg agt ttc gca gag ttg aag aat ctc acg ctt ttg aat ctc ttc cgt	960
Ala Ser Phe Ala Glu Leu Lys Asn Leu Thr Leu Leu Asn Leu Phe Arg	
305 310 315 320	
aac aaa ctt cac ggc gag ata ccg gag ttc atc gga gat ttg ccg gag	1008
Asn Lys Leu His Gly Glu Ile Pro Glu Phe Ile Gly Asp Leu Pro Glu	
325 330 335	
ctt gaa gtg tta cag ctt tgg gag aac aat ttc acc gga agc atc ccg	1056
Leu Glu Val Leu Gln Leu Trp Glu Asn Asn Phe Thr Gly Ser Ile Pro	
340 345 350	
cag aaa tta gga gaa aac ggt aaa cta aat ctc gtc gat ctc tct tcc	1104
Gln Lys Leu Gly Glu Asn Gly Lys Leu Asn Leu Val Asp Leu Ser Ser	
355 360 365	
aat aag ctg acc gga act tta ccg ccg aac atg tgc tcc ggt aac aag	1152
Asn Lys Leu Thr Gly Thr Leu Pro Pro Asn Met Cys Ser Gly Asn Lys	
370 375 380	
tta gaa act tta atc act ctt gga aac ttt ctc ttt ggt tca atc cct	1200
Leu Glu Thr Leu Ile Thr Leu Gly Asn Phe Leu Phe Gly Ser Ile Pro	
385 390 395 400	
gat tct ctt ggt aaa tgt gag tct ttg acc cgg atc cga atg ggt gag	1248
Asp Ser Leu Gly Lys Cys Glu Ser Leu Thr Arg Ile Arg Met Gly Glu	
405 410 415	
aat ttc ctg aac ggg tca atc cca aaa gga cta ttc gga tta ccc aaa	1296
Asn Phe Leu Asn Gly Ser Ile Pro Lys Gly Leu Phe Gly Leu Pro Lys	
420 425 430	
tta act caa gtg gag ctc caa gat aat tat ctc tcc gga gag tta cca	1344
Leu Thr Gln Val Glu Leu Gln Asp Asn Tyr Leu Ser Gly Glu Leu Pro	
435 440 445	
gtc gcc gga ggt gtc tct gtt aat ctt ggt cag atc agt tta tca aac	1392
Val Ala Gly Gly Val Ser Val Asn Leu Gly Gln Ile Ser Leu Ser Asn	
450 455 460	
aac cag ctc tca ggt cca tta cct ccg gcg atc ggg aac ttc acc gcc	1440
Asn Gln Leu Ser Gly Pro Leu Pro Pro Ala Ile Gly Asn Phe Thr Gly	
465 470 475 480	
gtt cag aaa ctt ctt ctt gat gga aac aag ttc caa ggt cct att cct	1488
Val Gln Lys Leu Leu Asp Gly Asn Lys Phe Gln Gly Pro Ile Pro	
485 490 495	
tca gag gta ggg aag ctt cag cag ctc tcg aag att gat ttc agc cac	1536
Ser Glu Val Gly Lys Leu Gln Gln Leu Ser Lys Ile Asp Phe Ser His	
500 505 510	
aac ttg ttc tcc ggt cga atc gcg ccg gag att agt cgt tgc aag ctc	1584
Asn Leu Phe Ser Gly Arg Ile Ala Pro Glu Ile Ser Arg Cys Lys Leu	
515 520 525	
tta acg ttt gtt gat ctg agc aga aac gag ctc tcc ggt gaa atc cca	1632
Leu Thr Phe Val Asp Leu Ser Arg Asn Glu Leu Ser Glv Glu Ile Pro	



530	535	540	
aat gag atc act gct atg aag ata ttg aat tac ttg aac ctg tcg aga			1680
Asn Glu Ile Thr Ala Met Lys Ile Leu Asn Tyr Leu Asn Leu Ser Arg			
545	550	555	560
aac cat ctg gtt gga tca atc cct ggt tca atc tcg tca atg cag agc			1728
Asn His Leu Val Gly Ser Ile Pro Gly Ser Ile Ser Ser Met Gln Ser			
	565	570	575
tta aca tct ctt gat ttc tct tac aac aac ctc tcc ggt tta gtt ccg			1776
Leu Thr Ser Leu Asp Phe Ser Tyr Asn Asn Leu Ser Gly Leu Val Pro			
	580	585	590
gga aca gga caa ttc agt tac ttc aac tac aca tcg ttc ttg ggt aat			1824
Gly Thr Gly Gln Phe Ser Tyr Phe Asn Tyr Thr Ser Phe Leu Gly Asn			
	595	600	605
cct gat ctc tgt ggt cct tat ctt ggt cct tgt aaa gac ggt gtt gct			1872
Pro Asp Leu Cys Gly Pro Tyr Leu Gly Pro Cys Lys Asp Gly Val Ala			
	610	615	620
aaa gga ggt cac cag agt cat agt aaa gga cct tta tca gct tct atg			1920
Lys Gly Gly His Gln Ser His Ser Lys Gly Pro Leu Ser Ala Ser Met			
	625	630	640
aag tta ttg ctt gtt ctt gga cta ctt gtt tgt tcg att gcg ttc gcg			1968
Lys Leu Leu Leu Val Leu Gly Leu Leu Val Cys Ser Ile Ala Phe Ala			
	645	650	655
gta gta gcc ata atc aaa gct aga tca ttg aaa aag gcg agt gag tca			2016
Val Val Ala Ile Ile Lys Ala Arg Ser Leu Lys Lys Ala Ser Glu Ser			
	660	665	670
cgg gct tgg agg tta aca gct ttc cag aga cta gac ttc acg tgt gac			2064
Arg Ala Trp Arg Leu Thr Ala Phe Gln Arg Leu Asp Phe Thr Cys Asp			
	675	680	685
gat gtc ttg gat tct ctc aaa gaa gac aac att ata ggc aaa gga gga			2112
Asp Val Leu Asp Ser Leu Lys Glu Asp Asn Ile Ile Gly Lys Gly Gly			
	690	695	700
gct ggt att gtc tat aaa ggc gta atg cct aat ggt gat cta gtc gcg			2160
Ala Gly Ile Val Tyr Lys Gly Val Met Pro Asn Gly Asp Leu Val Ala			
	705	710	720
gtt aaa aga ctc gct gca atg tct cgt gga tct tcc cat gat cac ggc			2208
Val Lys Arg Leu Ala Ala Met Ser Arg Gly Ser Ser His Asp His Gly			
	725	730	735
ttc aac gca gag att caa acc tta gga agg ata aga cac aga cac ata			2256
Phe Asn Ala Glu Ile Gln Thr Leu Gly Arg Ile Arg His Arg His Ile			
	740	745	750
gtg agg ctt ctc gga ttt tgc tca aac cac gag acg aat cta ctt gtc			2304
Val Arg Leu Leu Gly Phe Cys Ser Asn His Glu Thr Asn Leu Leu Val			
	755	760	765
tat gag tac atg cct aat ggt agt ctc ggt gag gtg ctt cac ggt aag			2352
Tyr Glu Tyr Met Pro Asn Gly Ser Leu Gly Glu Val Leu His Gly Lys			
	770	775	780

aaa Lys 785	gga Gly	cac His	ttg Leu	cat His 790	tgg Trp	gac Asp	aca Thr	cgt Arg	tac Tyr 795	aag Lys	att Ile	gct Ala	ctt Leu	gaa Glu 800	2400	
gct Ala	gct Ala	aaa Lys	gga Gly	ctc Leu 805	tgt Cys	tac Tyr	ctt Leu	cat His	cac His 810	gat Asp	tgt Cys	tct Ser	cca Pro	ttg Leu 815	2448	
gtt Val	cac His	aga Arg	gat Asp 820	gtc Val	aaa Lys	tca Ser	aac Asn	aac Asn 825	atc Ile	ctc Leu	ctt Leu	gat Asp	tca Ser 830	aac Asn 835	2496	
gaa Glu	gct Ala	cat His 835	gtt Val	gct Ala	gac Asp	ttt Phe	ggc Gly 840	ctc Leu	gct Ala	aaa Lys	ttc Phe	ctt Leu 845	caa Gln	gat Asp	tcc Ser	2544
ggc Gly	act Thr 850	tct Ser	gaa Glu	tgt Cys	atg Met	tct Ser 855	gca Ala	atc Ile	gct Ala	ggc Gly	tct Ser 860	tac Tyr	ggc Gly	tac Tyr	ata Ile	2592
gct Ala 865	cca Pro	gag Glu	tat Tyr	gcg Ala	tat Tyr 870	acg Thr	ttg Leu	aag Lys	gta Val	gat Asp 875	gag Glu	aag Lys	agc Ser	gat Asp	gtg Val 880	2640
tat Tyr	agt Ser	ttc Phe	ggc Gly	gtg Val 885	gtt Val	ctt Leu	ttg Leu	gaa Glu	ctc Leu 890	gtc Val	acc Thr	gga Gly	aga Arg	aaa Lys 895	cct Pro	2688
gtc Val	gga Gly	gaa Glu	ttt Phe 900	gga Gly	gac Asp	ggc Gly	gtc Val	gat Asp 905	ata Ile	gtg Val	caa Gln	tgg Trp	gtt Val 910	cgt Arg	aaa Lys	2736
atg Met	act Thr	gat Asp 915	tcg Ser	aac Asn	aag Lys	gat Asp	tcg Ser 920	gtt Val	ctg Leu	aaa Lys	gta Val	ttg Leu 925	gat Asp	ccg Pro	aga Arg	2784
ctt Leu	tct Ser 930	tcg Ser	att Ile	ccg Pro	att Ile	cat His 935	gaa Glu	gtg Val	acg Thr	cac His	gtc Val 940	ttc Phe	tat Tyr	gta Val	gcg Ala	2832
atg Met 945	ctc Leu	tgt Cys	gta Val	gaa Glu	gaa Glu 950	caa Gln	gct Ala	gtt Val	gag Glu	agg Arg 955	ccg Pro	act Thr	atg Met	aga Arg	gaa Glu 960	2880
gtt Val	gtt Val	cag Gln	att Ile	ctc Leu 965	act Thr	gag Glu	atc Ile	ccg Pro	aag Lys 970	ttg Leu	cca Pro	ccg Pro	tcg Ser	aag Lys 975	gat Asp	2928
cag Gln	ccg Pro	atg Met	acg Thr 980	gaa Glu	tca Ser	gcg Ala	ccg Pro	gag Glu 985	agt Ser	gag Glu	ctt Leu	tcg Ser	ccg Pro 990	aag Lys	tct Ser	2976
ggc Gly	gtt Val	caa Gln 995	agt Ser	ccg Pro	ccg Pro	gat Asp	cta Leu	ctc Leu	aat Asn	cta Leu	tga					3012

```
<210> 26
<211> 1003
<212> PRT
```

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 26

Met Lys Leu Phe Leu Leu Leu Phe Leu Leu His Ile Ser His Thr  
 1 5 10 15  
 Phe Thr Ala Ser Arg Pro Ile Ser Glu Phe Arg Ala Leu Leu Ser Leu  
 20 25 30  
 Lys Thr Ser Leu Thr Gly Ala Gly Asp Asp Lys Asn Ser Pro Leu Ser  
 35 40 45  
 Ser Trp Lys Val Ser Thr Ser Phe Cys Thr Trp Ile Gly Val Thr Cys  
 50 55 60  
 Asp Val Ser Arg Arg His Val Thr Ser Leu Asp Leu Ser Gly Leu Asn  
 65 70 75 80  
 Leu Ser Gly Thr Leu Ser Pro Asp Val Ser His Leu Arg Leu Leu Gln  
 85 90 95  
 Asn Leu Ser Leu Ala Glu Asn Leu Ile Ser Gly Pro Ile Pro Pro Glu  
 100 105 110  
 Ile Ser Ser Leu Ser Gly Leu Arg His Leu Asn Leu Ser Asn Asn Val  
 115 120 125  
 Phe Asn Gly Ser Phe Pro Asp Glu Ile Ser Ser Gly Leu Val Asn Leu  
 130 135 140  
 Arg Val Leu Asp Val Tyr Asn Asn Asn Leu Thr Gly Asp Leu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Ser Val Thr Asn Leu Thr Gln Leu Arg His Leu His Leu Gly Gly Asn  
 165 170 175  
 Tyr Phe Ala Gly Lys Ile Pro Pro Ser Tyr Gly Ser Trp Pro Val Ile  
 180 185 190  
 Glu Tyr Leu Ala Val Ser Gly Asn Glu Leu Val Gly Lys Ile Pro Pro  
 195 200 205  
 Glu Ile Gly Asn Leu Thr Thr Leu Arg Glu Leu Tyr Ile Gly Tyr Tyr  
 210 215 220  
 Asn Ala Phe Glu Asp Gly Leu Pro Pro Glu Ile Gly Asn Leu Ser Glu  
 225 230 235 240  
 Leu Val Arg Phe Asp Gly Ala Asn Cys Gly Leu Thr Gly Glu Ile Pro  
 245 250 255  
 Pro Glu Ile Gly Lys Leu Gln Lys Leu Asp Thr Leu Phe Leu Gln Val  
 260 265 270  
 Asn Val Phe Ser Gly Pro Leu Thr Trp Glu Leu Gly Thr Leu Ser Ser  
 275 280 285  
 Leu Lys Ser Met Asp Leu Ser Asn Asn Met Phe Thr Gly Glu Ile Pro  
 290 295 300  
 Ala Ser Phe Ala Glu Leu Lys Asn Leu Thr Leu Leu Asn Leu Phe Arg

305	310	315	320
Asn Lys Leu His Gly Glu Ile Pro Glu Phe Ile Gly Asp Leu Pro Glu	325	330	335
Leu Glu Val Leu Gln Leu Trp Glu Asn Asn Phe Thr Gly Ser Ile Pro	340	345	350
Gln Lys Leu Gly Glu Asn Gly Lys Leu Asn Leu Val Asp Leu Ser Ser	355	360	365
Asn Lys Leu Thr Gly Thr Leu Pro Pro Asn Met Cys Ser Gly Asn Lys	370	375	380
Leu Glu Thr Leu Ile Thr Leu Gly Asn Phe Leu Phe Gly Ser Ile Pro	385	390	395
Asp Ser Leu Gly Lys Cys Glu Ser Leu Thr Arg Ile Arg Met Gly Glu	405	410	415
Asn Phe Leu Asn Gly Ser Ile Pro Lys Gly Leu Phe Gly Leu Pro Lys	420	425	430
Leu Thr Gln Val Glu Leu Gln Asp Asn Tyr Leu Ser Gly Glu Leu Pro	435	440	445
Val Ala Gly Gly Val Ser Val Asn Leu Gly Gln Ile Ser Leu Ser Asn	450	455	460
Asn Gln Leu Ser Gly Pro Leu Pro Pro Ala Ile Gly Asn Phe Thr Gly	465	470	475
Val Gln Lys Leu Leu Leu Asp Gly Asn Lys Phe Gln Gly Pro Ile Pro	485	490	495
Ser Glu Val Gly Lys Leu Gln Gln Leu Ser Lys Ile Asp Phe Ser His	500	505	510
Asn Leu Phe Ser Gly Arg Ile Ala Pro Glu Ile Ser Arg Cys Lys Leu	515	520	525
Leu Thr Phe Val Asp Leu Ser Arg Asn Glu Leu Ser Gly Glu Ile Pro	530	535	540
Asn Glu Ile Thr Ala Met Lys Ile Leu Asn Tyr Leu Asn Leu Ser Arg	545	550	555
Asn His Leu Val Gly Ser Ile Pro Gly Ser Ile Ser Ser Met Gln Ser	565	570	575
Leu Thr Ser Leu Asp Phe Ser Tyr Asn Asn Leu Ser Gly Leu Val Pro	580	585	590
Gly Thr Gly Gln Phe Ser Tyr Phe Asn Tyr Thr Ser Phe Leu Gly Asn	595	600	605
Pro Asp Leu Cys Gly Pro Tyr Leu Gly Pro Cys Lys Asp Gly Val Ala	610	615	620
Lys Gly Gly His Gln Ser His Ser Lys Gly Pro Leu Ser Ala Ser Met	625	630	635
			640

Lys Leu Leu Leu Val Leu Gly Leu Leu Val Cys Ser Ile Ala Phe Ala  
 645 650 655  
 Val Val Ala Ile Ile Lys Ala Arg Ser Leu Lys Lys Ala Ser Glu Ser  
 660 665 670  
 Arg Ala Trp Arg Leu Thr Ala Phe Gln Arg Leu Asp Phe Thr Cys Asp  
 675 680 685  
 Asp Val Leu Asp Ser Leu Lys Glu Asp Asn Ile Ile Gly Lys Gly Gly  
 690 695 700  
 Ala Gly Ile Val Tyr Lys Gly Val Met Pro Asn Gly Asp Leu Val Ala  
 705 710 715 720  
 Val Lys Arg Leu Ala Ala Met Ser Arg Gly Ser Ser His Asp His Gly  
 725 730 735  
 Phe Asn Ala Glu Ile Gln Thr Leu Gly Arg Ile Arg His Arg His Ile  
 740 745 750  
 Val Arg Leu Leu Gly Phe Cys Ser Asn His Glu Thr Asn Leu Leu Val  
 755 760 765  
 Tyr Glu Tyr Met Pro Asn Gly Ser Leu Gly Glu Val Leu His Gly Lys  
 770 775 780  
 Lys Gly Gly His Leu His Trp Asp Thr Arg Tyr Lys Ile Ala Leu Glu  
 785 790 795 800  
 Ala Ala Lys Gly Leu Cys Tyr Leu His His Asp Cys Ser Pro Leu Ile  
 805 810 815  
 Val His Arg Asp Val Lys Ser Asn Asn Ile Leu Leu Asp Ser Asn Phe  
 820 825 830  
 Glu Ala His Val Ala Asp Phe Gly Leu Ala Lys Phe Leu Gln Asp Ser  
 835 840 845  
 Gly Thr Ser Glu Cys Met Ser Ala Ile Ala Gly Ser Tyr Gly Tyr Ile  
 850 855 860  
 Ala Pro Glu Tyr Ala Tyr Thr Leu Lys Val Asp Glu Lys Ser Asp Val  
 865 870 875 880  
 Tyr Ser Phe Gly Val Val Leu Leu Glu Leu Val Thr Gly Arg Lys Pro  
 885 890 895  
 Val Gly Glu Phe Gly Asp Gly Val Asp Ile Val Gln Trp Val Arg Lys  
 900 905 910  
 Met Thr Asp Ser Asn Lys Asp Ser Val Leu Lys Val Leu Asp Pro Arg  
 915 920 925  
 Leu Ser Ser Ile Pro Ile His Glu Val Thr His Val Phe Tyr Val Ala  
 930 935 940  
 Met Leu Cys Val Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Pro Thr Met Arg Glu  
 945 950 955 960

Val	Val	Gln	Ile	Leu	Thr	Glu	Ile	Pro	Lys	Leu	Pro	Pro	Ser	Lys	Asp
				965					970					975	
Gln	Pro	Met	Thr	Glu	Ser	Ala	Pro	Glu	Ser	Glu	Leu	Ser	Pro	Lys	Ser
			980					985					990		
Gly	Val	Gln	Ser	Pro	Pro	Asp	Leu	Leu	Asn	Leu					
		995					1000								

```
<210> 27
<211> 1108
<212> ADN
<213> Nicotiana benthamiana
```

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(762)
```

<400> 27																	
gaa	cgt	gag	aac	ttc	gta	tac	atc	gct	aag	ctt	gcc	gag	caa	gct	gaa	48	
Glu	Arg	Glu	Asn	Phe	Val	Tyr	Ile	Ala	Lys	Leu	Ala	Glu	Gln	Ala	Glu		
1		5			10					15							
cgc	tat	gat	gag	atg	gtt	gat	gcg	atg	aag	aat	ctt	gca	aat	atg	gat	96	
Arg	Tyr	Asp	Glu	Met	Val	Asp	Ala	Met	Lys	Asn	Leu	Ala	Asn	Met	Asp		
20			25					30									
gtt	gaa	ttg	aca	gtg	gaa	gag	agg	aat	ttg	ttt	tct	gtt	ggt	tat	aag	144	
Val	Glu	Leu	Thr	Val	Glu	Glu	Arg	Asn	Leu	Phe	Ser	Val	Gly	Tyr	Lys		
35			40					45									
aat	gtg	gtt	gga	gct	agg	aga	gca	tcg	tgg	agg	atc	ttg	tct	tcc	atc	192	
Asn	Val	Val	Gly	Ala	Arg	Arg	Ala	Ser	Trp	Arg	Ile	Leu	Ser	Ser	Ile		
50		55					60										
gag	cag	aag	gaa	gag	tct	aga	gga	aat	gag	cag	aac	gtg	aag	cgg	att	240	
Glu	Gln	Lys	Glu	Glu	Ser	Arg	Gly	Asn	Glu	Gln	Asn	Val	Lys	Arg	Ile		
65		70					75					80					
aag	gag	tac	cag	caa	aaa	gtg	gag	tca	gag	ctc	acc	gac	att	tgc	aat	288	
Lys	Glu	Tyr	Gln	Gln	Lys	Val	Glu	Ser	Glu	Leu	Thr	Asp	Ile	Cys	Asn		
85					90					95							
aat	atc	atg	acc	gtg	att	gat	aag	cat	cta	att	cct	tca	tgt	act	tct	336	
Asn	Ile	Met	Thr	Val	Ile	Asp	Lys	His	Leu	Ile	Pro	Ser	Cys	Thr	Ser		
100			105					110									
gga	gaa	tca	agt	gtg	ttt	tac	tac	aaa	atg	aaa	ggg	gat	tat	tat	cga	384	
Gly	Glu	Ser	Ser	Val	Phe	Tyr	Tyr	Lys	Met	Lys	Gly	Asp	Tyr	Tyr	Arg		
115			120					125									
tac	ctt	gca	gag	ctc	aaa	act	ggg	aac	gac	aag	aaa	gag	gtt	tct	gat	432	
Tyr	Leu	Ala	Glu	Leu	Lys	Thr	Gly	Asn	Asp	Lys	Lys	Glu	Val	Ser	Asp		
130			135					140									
ctg	tct	tta	aaa	gca	tat	cag	aca	gct	aca	gct	aca	gcg	gag	gct	gaa	480	
Leu	Ser	Leu	Lys	Ala	Tyr	Gln	Thr	Ala	Thr	Ala	Thr	Ala	Glu	Ala	Glu		
145		150					155					160					

tta tca act acc cat ccc att cgg ctg ggt ttg gct tta aat ttc tct 528  
 Leu Ser Thr Thr His Pro Ile Arg Leu Gly Leu Ala Leu Asn Phe Ser  
 165 170 175

gtt ttc tac tat gag ata atg aac tcc cct gaa agg gca tgc cac ctg 576  
 Val Phe Tyr Tyr Glu Ile Met Asn Ser Pro Glu Arg Ala Cys His Leu  
 180 185 190

gct aag cag gct ttt gat gaa gca ata tcg gag ctg gat gcc ctt aat 624  
 Ala Lys Gln Ala Phe Asp Glu Ala Ile Ser Glu Leu Asp Ala Leu Asn  
 195 200 205

gag gac tcc tac aaa gat agc acc ttg att atg cag ctt tta agg gac 672  
 Glu Asp Ser Tyr Lys Asp Ser Thr Leu Ile Met Gln Leu Leu Arg Asp  
 210 215 220

aat ctc acc ttg tgg act tct gac att cca gat gat gca ggc atg tgc 720  
 Asn Leu Thr Leu Trp Thr Ser Asp Ile Pro Asp Asp Ala Gly Met Cys  
 225 230 235 240

aag gca ttt tct caa ggt tgc ttt gat gtt tgc ata atc tac 762  
 Lys Ala Phe Ser Gln Gly Cys Phe Asp Val Cys Ile Ile Tyr  
 245 250

tagttgctgg ttcattaact ttctacctgc tctattctcc tcgtagttgc tagggtaaac 822  
 ttgagttgtc atgggtaagt tgcctatcac agatgagaga tctcctctga gacgaattat 882  
 ctattccgac ctttagatgg tatttagcgt ggaatgcac atactgttgg cacattattt 942  
 cggaattaa aaaactaggg ggcaaaaaga cagagttcta cacgtccttt ttgtagggag 1002  
 aagggaataa tcgggctaga aaatactaag agttggagga ttttttttct cttgttcata 1062  
 cagtgtatta tcatccgttg gattattatt aagaaggat ctgcac 1108

<210> 28  
 <211> 254  
 <212> PRT  
 <213> Nicotiana benthamiana

<400> 28  
 Glu Arg Glu Asn Phe Val Tyr Ile Ala Lys Leu Ala Glu Gln Ala Glu  
 1 5 10 15  
 Arg Tyr Asp Glu Met Val Asp Ala Met Lys Asn Leu Ala Asn Met Asp  
 20 25 30  
 Val Glu Leu Thr Val Glu Glu Arg Asn Leu Phe Ser Val Gly Tyr Lys  
 35 40 45  
 Asn Val Val Gly Ala Arg Arg Ala Ser Trp Arg Ile Leu Ser Ser Ile  
 50 55 60  
 Glu Gln Lys Glu Glu Ser Arg Gly Asn Glu Gln Asn Val Lys Arg Ile  
 65 70 75 80  
 Lys Glu Tyr Gln Gln Lys Val Glu Ser Glu Leu Thr Asp Ile Cys Asn  
 85 90 95

45

Asn Ile Met Thr Val Ile Asp Lys His Leu Ile Pro Ser Cys Thr Ser  
 100 105 110  
 Gly Glu Ser Ser Val Phe Tyr Tyr Lys Met Lys Gly Asp Tyr Tyr Arg  
 115 120 125  
 Tyr Leu Ala Glu Leu Lys Thr Gly Asn Asp Lys Lys Glu Val Ser Asp  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Lys Ala Tyr Gln Thr Ala Thr Ala Thr Ala Glu Ala Glu  
 145 150 155 160  
 Leu Ser Thr Thr His Pro Ile Arg Leu Gly Leu Ala Leu Asn Phe Ser  
 165 170 175  
 Val Phe Tyr Tyr Glu Ile Met Asn Ser Pro Glu Arg Ala Cys His Leu  
 180 185 190  
 Ala Lys Gln Ala Phe Asp Glu Ala Ile Ser Glu Leu Asp Ala Leu Asn  
 195 200 205  
 Glu Asp Ser Tyr Lys Asp Ser Thr Leu Ile Met Gln Leu Leu Arg Asp  
 210 215 220  
 Asn Leu Thr Leu Trp Thr Ser Asp Ile Pro Asp Asp Ala Gly Met Cys  
 225 230 235 240  
 Lys Ala Phe Ser Gln Gly Cys Phe Asp Val Cys Ile Ile Tyr  
 245 250

<210> 29  
 <211> 714  
 <212> ADN  
 <213> Nicotiana benthamiana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(714)

<400> 29  
 tgc act cct tct act tct tct cct tca aat atc tct gca att ttc cca 48  
 Cys Thr Pro Ser Thr Ser Ser Pro Ser Asn Ile Ser Ala Ile Phe Pro  
 1 5 10 15  
 aaa tcc tca tct ttc aat ccc caa act cca cct ctc ttc cca att cca 96  
 Lys Ser Ser Ser Phe Asn Pro Gln Thr Pro Pro Leu Phe Pro Ile Pro  
 20 25 30  
 act tct tac ttc aac aga aaa aat aca cac aca tta att tgc tcc gca 144  
 Thr Ser Tyr Phe Asn Arg Lys Asn Thr His Thr Leu Ile Cys Ser Ala  
 35 40 45  
 gca aag caa caa act ggg cca gtg aaa aaa caa cgt aca tct cca aat 192  
 Ala Lys Gln Gln Thr Gly Pro Val Lys Lys Gln Arg Thr Ser Pro Asn  
 50 55 60  
 aat acc aaa aag aaa aag aaa aat gtt tca aat ttc gat ggt gaa gtg 240  
 Asn Thr Lys Lys Lys Lys Lys Asn Val Ser Asn Phe Asp Gly Glu Val  
 65 70 75 80



gat gtt gaa gtt gaa gat aaa gag gca gag cgt tac gtt cct ttg ccg 288  
Asp Val Glu Val Glu Asp Lys Glu Ala Glu Arg Tyr Val Pro Leu Pro  
85 90 95

cta cca aaa ccg cca gct gga ttt gtt tta gat gag cag ggt aga gtt 336  
Leu Pro Lys Pro Pro Ala Gly Phe Val Leu Asp Glu Gln Gly Arg Val  
100 105 110

ctc atg gct tcc aat aag cgt att gct aca att gtt gat tct acg aac 384  
Leu Met Ala Ser Asn Lys Arg Ile Ala Thr Ile Val Asp Ser Thr Asn  
115 120 125

aat ttt ccg ctg gaa tgc atc atc agg agg gtt ttt aga agt tta cga 432  
Asn Phe Pro Leu Glu Cys Ile Ile Arg Arg Val Phe Arg Ser Leu Arg  
130 135 140

gaa gat gaa tgt tta cta ctc tgc cct gtt gat atg cct gtt cag att 480  
Glu Asp Glu Cys Leu Leu Leu Cys Pro Val Asp Met Pro Val Gln Ile  
145 150 155 160

tta aag agc aca aat gtc gag gga tgg tct gct gta agt gat gaa gaa 528  
Leu Lys Ser Thr Asn Val Glu Gly Trp Ser Ala Val Ser Asp Glu Glu  
165 170 175

gtg gaa gct atc cta cca act gca gcc tat gct cta gcc aag ata cac 576  
Val Glu Ala Ile Leu Pro Thr Ala Ala Tyr Ala Leu Ala Lys Ile His  
180 185 190

atg cat ctt gtg tac agt gga ttc tgt tac aca gca cgt gga gga ttt 624  
Met His Leu Val Tyr Ser Gly Phe Cys Tyr Thr Ala Arg Gly Gly Phe  
195 200 205

tgc tac aca gag gac gac ata ttt gaa ttc aga aca gat gat ggt gac 672  
Cys Tyr Thr Glu Asp Asp Ile Phe Glu Phe Arg Thr Asp Asp Gly Asp  
210 215 220

gat gta gat ggg ttg cca agt gaa ggc ata gaa atc aca tgc 714  
Asp Val Asp Gly Leu Pro Ser Glu Gly Ile Glu Ile Thr Cys  
225 230 235

&lt;210&gt; 30

&lt;211&gt; 238

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Nicotiana benthamiana

&lt;400&gt; 30

Cys Thr Pro Ser Thr Ser Ser Pro Ser Asn Ile Ser Ala Ile Phe Pro  
1 5 10 15

Lys Ser Ser Ser Phe Asn Pro Gln Thr Pro Pro Leu Phe Pro Ile Pro  
20 25 30

Thr Ser Tyr Phe Asn Arg Lys Asn Thr His Thr Leu Ile Cys Ser Ala  
35 40 45

Ala Lys Gln Gln Thr Gly Pro Val Lys Lys Gln Arg Thr Ser Pro Asn  
50 55 60

Asn Thr Lvs Lvs Lvs Lvs Lvs Asn Val Ser Asn Phe Asp Glv Glu Val

47

65		70		75		80
Asp Val Glu Val Glu Asp Lys Glu Ala Glu Arg Tyr Val Pro Leu Pro						
	85			90		95
Leu Pro Lys Pro Pro Ala Gly Phe Val Leu Asp Glu Gln Gly Arg Val						
	100		105			110
Leu Met Ala Ser Asn Lys Arg Ile Ala Thr Ile Val Asp Ser Thr Asn						
	115		120			125
Asn Phe Pro Leu Glu Cys Ile Ile Arg Arg Val Phe Arg Ser Leu Arg						
	130		135			140
Glu Asp Glu Cys Leu Leu Leu Cys Pro Val Asp Met Pro Val Gln Ile						
	145		150			155
Leu Lys Ser Thr Asn Val Glu Gly Trp Ser Ala Val Ser Asp Glu Glu						
		165		170		175
Val Glu Ala Ile Leu Pro Thr Ala Ala Tyr Ala Leu Ala Lys Ile His						
		180		185		190
Met His Leu Val Tyr Ser Gly Phe Cys Tyr Thr Ala Arg Gly Gly Phe						
	195		200			205
Cys Tyr Thr Glu Asp Asp Ile Phe Glu Phe Arg Thr Asp Asp Gly Asp						
	210		215			220
Asp Val Asp Gly Leu Pro Ser Glu Gly Ile Glu Ile Thr Cys						
	225		230			235

<210> 31  
 <211> 1925  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1827)

<400> 31	
gca gag gct cca ccg gag att atc aac cat cct tct cat cct caa cac	48
Ala Glu Ala Pro Pro Glu Ile Ile Asn His Pro Ser His Pro Gln His	
1 5 10 15	
act ctt aaa ctc cac aat tct cta agg aac cca tgt aaa tgt aat cta	96
Thr Leu Lys Leu His Asn Ser Leu Arg Asn Pro Cys Lys Cys Asn Leu	
20 25 30	
tgt ggc aag act ttt ttc gct ttt ggt tat cgt tgt tca tca aaa tgt	144
Cys Gly Lys Thr Phe Phe Ala Phe Gly Tyr Arg Cys Ser Ser Lys Cys	
35 40 45	
gac ttc atc gtg gat ctc act tgt ggg ata aat cca ttg ccg gtt tct	192
Asp Phe Ile Val Asp Leu Thr Cys Gly Ile Asn Pro Leu Pro Val Ser	
50 55 60	

atc gaa cat cca aag tct cat cat cat cca gtt atc ttc ttg aaa gaa Ile Glu His Pro Lys Ser His His His Pro Val Ile Phe Leu Lys Glu 65 70 75 80	240
ccc gca aag ccg ggt agg cgc aga tgc gga att tgc aag ggc tat aat Pro Ala Lys Pro Gly Arg Arg Arg Cys Gly Ile Cys Lys Gly Tyr Asn 85 90 95	288
ggt gga tgt tct tat gca tgt ctt gaa tgt gaa gtc cac ttt cat gtc Gly Gly Cys Ser Tyr Ala Cys Leu Glu Cys Glu Val His Phe His Val 100 105 110	336
gag tgt gtc aat ctt tcc caa gag gtg aat cat cct tct cat cct caa Glu Cys Val Asn Leu Ser Gln Glu Val Asn His Pro Ser His Pro Gln 115 120 125	384
cat tct ctc aag tta ctt gaa tat gaa tca cta aca agt gat gct gaa His Ser Leu Lys Leu Leu Glu Tyr Glu Ser Leu Thr Ser Asp Ala Glu 130 135 140	432
gag aca tgt ctt tta tgt gga gaa cga cca gac aaa gtg ctt tat cgc Glu Thr Cys Leu Leu Cys Gly Glu Arg Pro Asp Lys Val Leu Tyr Arg 145 150 155 160	480
tgc tcg ata tgc aac ttc agc gta tgt cga ttc tgt aca aaa gat cca Cys Ser Ile Cys Asn Phe Ser Val Cys Arg Phe Cys Thr Lys Asp Pro 165 170 175	528
cca cca ctt gct atc gag cat cat aag acg cac gag cat cga ctt gtc Pro Pro Leu Ala Ile Glu His His Lys Thr His Glu His Arg Leu Val 180 185 190	576
ctc tta tca aga ctc atc tca ttt gaa tgt aat gct tgt ggg atg caa Leu Leu Ser Arg Leu Ile Ser Phe Glu Cys Asn Ala Cys Gly Met Gln 195 200 205	624
ggt gat cga agt cct tac atg tgt gtt caa tgc ggg ttt gtt gtc cat Gly Asp Arg Ser Pro Tyr Met Cys Val Gln Cys Gly Phe Val Val His 210 215 220	672
aga act tgt att gac tta cca cgt gtc ata aac atc aac cgt cac gat Arg Thr Cys Ile Asp Leu Pro Arg Val Ile Asn Ile Asn Arg His Asp 225 230 235 240	720
cat cgc atc tct ttc acc cat cat ctc ggt gtt ggg tac tcg aga tgc His Arg Ile Ser Phe Thr His His Leu Gly Val Gly Tyr Ser Arg Cys 245 250 255	768
ggt att tgt cgc aaa gat ata agt caa tac cat ggg gct tat tta tgc Gly Ile Cys Arg Lys Asp Ile Ser Gln Tyr His Gly Ala Tyr Leu Cys 260 265 270	816
cct cgt tgc ccg aac tat gca gct cat tca cta tgt gca aca aga aaa Pro Arg Cys Pro Asn Tyr Ala Ala His Ser Leu Cys Ala Thr Arg Lys 275 280 285	864
gac gta tgg gat ggg gta gaa ctc gaa ggg aca cca gat gat gat gac Asp Val Trp Asp Gly Val Glu Leu Glu Gly Thr Pro Asp Asp Asp Asp 290 295 300	912

gaa gat att gtg ccg ttc aaa gtg gtg ggt gat aac ttg atc aag cat	960
Glu Asp Ile Val Pro Phe Lys Val Val Gly Asp Asn Leu Ile Lys His	
305 310 315 320	
ttc agt cat gaa gaa cat aat cta aga ctc aac aag gac aat atc aat	1008
Phe Ser His Glu Glu His Asn Leu Arg Leu Asn Lys Asp Asn Ile Asn	
325 330 335	
cgt gac gaa ggc tca cgt tgt gaa gca tgc gtc ctt cct atc tat tcc	1056
Arg Asp Glu Gly Ser Arg Cys Glu Ala Cys Val Leu Pro Ile Tyr Ser	
340 345 350	
gat ccg atc tac aac tgt gag gaa tgt cgt ttc att ctc cat gag aaa	1104
Asp Pro Ile Tyr Asn Cys Glu Glu Cys Arg Phe Ile Leu His Glu Lys	
355 360 365	
tgc gct aat cat cca aaa aag aaa cga cat gta ttc cac aca aaa cca	1152
Cys Ala Asn His Pro Lys Lys Lys Arg His Val Phe His Thr Lys Pro	
370 375 380	
ttc aca cta tgg tcc aga cca cct cgt aca ttc cat agc aaa gat ttt	1200
Phe Thr Leu Trp Ser Arg Pro Pro Arg Thr Phe His Ser Lys Asp Phe	
385 390 395 400	
aga ttc tac gat gtc ttt cgc tgc tat gct tgt aga acg aag tct act	1248
Arg Phe Tyr Asp Val Phe Arg Cys Tyr Ala Cys Arg Thr Lys Ser Thr	
405 410 415	
ggt ttc agg tac gtt tct gat tgg tgg gtt cta gat gta cgt tgt ggt	1296
Gly Phe Arg Tyr Val Ser Asp Trp Trp Val Leu Asp Val Arg Cys Gly	
420 425 430	
tcg cgt tct gaa ccg gtc att cat gat ggt cac aga cat cct cta tat	1344
Ser Arg Ser Glu Pro Val Ile His Asp Gly His Arg His Pro Leu Tyr	
435 440 445	
tac gaa cat aag aaa gat cac tgt tgt gat gca tgt tat aaa gag ata	1392
Tyr Glu His Lys Lys Asp His Cys Cys Asp Ala Cys Tyr Lys Glu Ile	
450 455 460	
gat ggt tat ctg ctt tcc tgt gac act tgt gac ttt gat ctg gat tta	1440
Asp Gly Tyr Leu Leu Ser Cys Asp Thr Cys Asp Phe Asp Leu Asp Leu	
465 470 475 480	
cac tgt act gat tta cca aaa acg gta aag cac agc tgc gac aat cat	1488
His Cys Thr Asp Leu Pro Lys Thr Val Lys His Ser Cys Asp Asn His	
485 490 495	
cct ctt tcc cta tgc tat ggc gaa aat gca acc gga aaa tat tgg tgt	1536
Pro Leu Ser Leu Cys Tyr Gly Glu Asn Ala Thr Gly Lys Tyr Trp Cys	
500 505 510	
gat att tgc gag gcg gaa aca gat cca agt aag tgg ttc tac act tgc	1584
Asp Ile Cys Glu Ala Glu Thr Asp Pro Ser Lys Trp Phe Tyr Thr Cys	
515 520 525	
tct aaa tgt gtg gtt act gca cat att gaa tgt gtg ctt gga gac ttt	1632
Ser Lys Cys Val Val Thr Ala His Ile Glu Cys Val Leu Gly Asp Phe	
530 535 540	
tca cat ctc ata cca gaa cac atc atc aac tac aat aat att aaa att	1680

Ser Arg Leu Met Pro Gly Arg Ile Ile Asn Tyr Asn Asn Val Arg Val  
 545 550 555 560  
 gaa gtg gtt ctt aac agc tat agt tct cgc ccc ttc tgt gca aaa tgt 1728  
 Glu Val Val Leu Asn Ser Tyr Ser Ser Arg Pro Phe Cys Ala Lys Cys  
 565 570 575  
 cac tcc aga tgc aga gct cct atc att cta aag ctt tgt gat cca tat 1776  
 His Ser Arg Cys Arg Ala Pro Ile Ile Leu Lys Leu Cys Asp Pro Tyr  
 580 585 590  
 act gga tac att tgt tcc gat gca tgt gta gtg ccc gac tat caa tac 1824  
 Thr Gly Tyr Ile Cys Ser Asp Ala Cys Val Val Pro Asp Tyr Gln Tyr  
 595 600 605  
 agc taagacaact atgtagctgt ttatttcact ctattgtttc tcgtaatttt 1877  
 Ser  
 ttggatgtaa gagtttattt ccaactacaa gtgctaagca ttctgggt 1925  
  
 <210> 32  
 <211> 609  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana  
  
 <400> 32  
 Ala Glu Ala Pro Pro Glu Ile Ile Asn His Pro Ser His Pro Gln His  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Lys Leu His Asn Ser Leu Arg Asn Pro Cys Lys Cys Asn Leu  
 20 25 30  
 Cys Gly Lys Thr Phe Phe Ala Phe Gly Tyr Arg Cys Ser Ser Lys Cys  
 35 40 45  
 Asp Phe Ile Val Asp Leu Thr Cys Gly Ile Asn Pro Leu Pro Val Ser  
 50 55 60  
 Ile Glu His Pro Lys Ser His His His Pro Val Ile Phe Leu Lys Glu  
 65 70 75 80  
 Pro Ala Lys Pro Gly Arg Arg Arg Cys Gly Ile Cys Lys Gly Tyr Asn  
 85 90 95  
 Gly Gly Cys Ser Tyr Ala Cys Leu Glu Cys Glu Val His Phe His Val  
 100 105 110  
 Glu Cys Val Asn Leu Ser Gln Glu Val Asn His Pro Ser His Pro Gln  
 115 120 125  
 His Ser Leu Lys Leu Leu Glu Tyr Glu Ser Leu Thr Ser Asp Ala Glu  
 130 135 140  
 Glu Thr Cys Leu Leu Cys Gly Glu Arg Pro Asp Lys Val Leu Tyr Arg  
 145 150 155 160  
 Cys Ser Ile Cys Asn Phe Ser Val Cys Arg Phe Cys Thr Lys Asp Pro  
 165 170 175  
 Pro Pro Leu Ala Ile Glu His His Lys Thr His Glu His Arg Leu Val



Asp Ile Cys Glu Ala Glu Thr Asp Pro Ser Lys Trp Phe Tyr Thr Cys  
 515 520 525  
 Ser Lys Cys Val Val Thr Ala His Ile Glu Cys Val Leu Gly Asp Phe  
 530 535 540  
 Ser Arg Leu Met Pro Gly Arg Ile Ile Asn Tyr Asn Asn Val Arg Val  
 545 550 555 560  
 Glu Val Val Leu Asn Ser Tyr Ser Ser Arg Pro Phe Cys Ala Lys Cys  
 565 570 575  
 His Ser Arg Cys Arg Ala Pro Ile Ile Leu Lys Leu Cys Asp Pro Tyr  
 580 585 590  
 Thr Gly Tyr Ile Cys Ser Asp Ala Cys Val Val Pro Asp Tyr Gln Tyr  
 595 600 605  
 Ser

<210> 33  
 <211> 1383  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1380)

<400> 33  
 atg gcg aag acc ggt gtt ttc gat tcg gat ccg acg gcg att gct aaa 48  
 Met Ala Lys Thr Gly Val Phe Asp Ser Asp Pro Thr Ala Ile Ala Lys  
 1 5 10 15  
 gcc aag gaa ctg aag cgt gag atg aag aag ttg ctg att aag atc gat 96  
 Ala Lys Glu Leu Lys Arg Glu Met Lys Lys Leu Leu Ile Lys Ile Asp  
 20 25 30  
 gac gaa gat gat ttg ggt gtt cag acg att gat cag tta cag gac gct 144  
 Asp Glu Asp Asp Leu Gly Val Gln Thr Ile Asp Gln Leu Gln Asp Ala  
 35 40 45  
 ttg tct gcg ttg aga gaa gcg acg atg agg aag atg gcg aaa tct tcc 192  
 Leu Ser Ala Leu Arg Glu Ala Thr Met Arg Lys Met Ala Lys Ser Ser  
 50 55 60  
 tcg tta gag atg ctc gag act gtg tct tgt cct gag gag ttt cgt tgt 240  
 Ser Leu Glu Met Leu Glu Thr Val Ser Cys Pro Glu Glu Phe Arg Cys  
 65 70 75 80  
 cct ctc tct aat gag ctt atg agg gat ccc gtc gtt ttg gct tct ggt 288  
 Pro Leu Ser Asn Glu Leu Met Arg Asp Pro Val Val Leu Ala Ser Gly  
 85 90 95  
 cag aca tac gac aag tta ttt atc cag aaa tgg ttg agc tca ggg aac 336  
 Gln Thr Tyr Asp Lys Leu Phe Ile Gln Lys Trp Leu Ser Ser Gly Asn  
 100 105 110

aga aca tgt ccc aag act cag caa gtt ctg cct cac acg gct tta aca	384
Arg Thr Cys Pro Lys Thr Gln Gln Val Leu Pro His Thr Ala Leu Thr	
115 120 125	
cct aat ctc tta atc cgt gaa atg atc tcg aaa tgg tgc aag aag aac	432
Pro Asn Leu Leu Ile Arg Glu Met Ile Ser Lys Trp Cys Lys Lys Asn	
130 135 140	
ggg ctt gag acg aag agc caa tat cat ccc aac ctt gta aat gaa gat	480
Gly Leu Glu Thr Lys Ser Gln Tyr His Pro Asn Leu Val Asn Glu Asp	
145 150 155 160	
gaa act gtg aca aga tca gat cgt gag att ttc aat tcc ttg ctc tgt	528
Glu Thr Val Thr Arg Ser Asp Arg Glu Ile Phe Asn Ser Leu Leu Cys	
165 170 175	
aaa gtc tct tct tcg aac ctt caa gat caa aaa tca gct gcc aag gag	576
Lys Val Ser Ser Ser Asn Leu Gln Asp Gln Lys Ser Ala Ala Lys Glu	
180 185 190	
cta aga ctt ctg acc agg aaa ggc act gag ttc cga gct ctt ttt ggc	624
Leu Arg Leu Leu Thr Arg Lys Gly Thr Glu Phe Arg Ala Leu Phe Gly	
195 200 205	
gaa tct ccg gat gag atc acc agg ttg gtg aat ccc ttg tta cac ggg	672
Glu Ser Pro Asp Glu Ile Thr Arg Leu Val Asn Pro Leu Leu His Gly	
210 215 220	
tca aac cca gat gag aag ctt caa gaa gat gtg gtt aca aca ttg ttg	720
Ser Asn Pro Asp Glu Lys Leu Gln Glu Asp Val Val Thr Thr Leu Leu	
225 230 235 240	
aac ata tca ata cat gat gac agc aac aag aag ctc gtc tgc gaa aat	768
Asn Ile Ser Ile His Asp Asp Ser Asn Lys Lys Leu Val Cys Glu Asn	
245 250 255	
cct aat gtg att cct ctc ctt atc gat gca ttg agg cgt gga aca gtc	816
Pro Asn Val Ile Pro Leu Leu Ile Asp Ala Leu Arg Arg Gly Thr Val	
260 265 270	
gcc acg aga agc aat gca gct gca gcg atc ttc act ctg tca gct ctc	864
Ala Thr Arg Ser Asn Ala Ala Ala Ile Phe Thr Leu Ser Ala Leu	
275 280 285	
gat tca aac aaa gta ctt ata ggg aag tcc gga atc ctg aaa ccg ctt	912
Asp Ser Asn Lys Val Leu Ile Gly Lys Ser Gly Ile Leu Lys Pro Leu	
290 295 300	
atc gat ctc cta gaa gaa ggg aat cca tta gct atc aaa gac gta gct	960
Ile Asp Leu Leu Glu Glu Gly Asn Pro Leu Ala Ile Lys Asp Val Ala	
305 310 315 320	
gca gcg atc ttc act ctt tgt ata gcc cat gag aac agg agt aga gct	1008
Ala Ala Ile Phe Thr Leu Cys Ile Ala His Glu Asn Arg Ser Arg Ala	
325 330 335	
gtg aga gac gga gct gtt agg gtt tta ggt aag aaa atc tcg aat ggg	1056
Val Arg Asp Gly Ala Val Arg Val Leu Gly Lys Lys Ile Ser Asn Gly	
340 345 350	



ttg tac gtt gat gag ctt tta gct ata ttg gca atg ctt gtt act cac 1104  
 Leu Tyr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Leu Ala Met Leu Val Thr His  
 355 360 365  
 tgg aag gct gtg gag gaa ttg ggt gag ctc ggt ggg gtt tca tgg ttg 1152  
 Trp Lys Ala Val Glu Glu Leu Gly Glu Leu Gly Gly Val Ser Trp Leu  
 370 375 380  
 ctg aag ata act cga gag agc gag tgc aag cga aac aaa gag aat gcg 1200  
 Leu Lys Ile Thr Arg Glu Ser Glu Cys Lys Arg Asn Lys Glu Asn Ala  
 385 390 395 400  
 ata gtg ata ctg cat act ata tgt ttc agc gac agg aca aag tgg aag 1248  
 Ile Val Ile Leu His Thr Ile Cys Phe Ser Asp Arg Thr Lys Trp Lys  
 405 410 415  
 gag atc aaa gaa gag gag aat gct cat gga acg ata aca aag ctt tcg 1296  
 Glu Ile Lys Glu Glu Glu Asn Ala His Gly Thr Ile Thr Lys Leu Ser  
 420 425 430  
 cgt gaa gga act tca agg gcg cag agg aaa gca aac ggg ata ttg gac 1344  
 Arg Glu Gly Thr Ser Arg Ala Gln Arg Lys Ala Asn Gly Ile Leu Asp  
 435 440 445  
 aga ctg aga aaa gct atg aat ctc act cat aca gcc tga 1383  
 Arg Leu Arg Lys Ala Met Asn Leu Thr His Thr Ala  
 450 455 460

<210> 34  
 <211> 460  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 34  
 Met Ala Lys Thr Gly Val Phe Asp Ser Asp Pro Thr Ala Ile Ala Lys  
 1 5 10 15  
 Ala Lys Glu Leu Lys Arg Glu Met Lys Lys Leu Leu Ile Lys Ile Asp  
 20 25 30  
 Asp Glu Asp Asp Leu Gly Val Gln Thr Ile Asp Gln Leu Gln Asp Ala  
 35 40 45  
 Leu Ser Ala Leu Arg Glu Ala Thr Met Arg Lys Met Ala Lys Ser Ser  
 50 55 60  
 Ser Leu Glu Met Leu Glu Thr Val Ser Cys Pro Glu Glu Phe Arg Cys  
 65 70 75 80  
 Pro Leu Ser Asn Glu Leu Met Arg Asp Pro Val Val Leu Ala Ser Gly  
 85 90 95  
 Gln Thr Tyr Asp Lys Leu Phe Ile Gln Lys Trp Leu Ser Ser Gly Asn  
 100 105 110  
 Arg Thr Cys Pro Lys Thr Gln Gln Val Leu Pro His Thr Ala Leu Thr  
 115 120 125  
 Pro Asn Leu Leu Ile Arg Glu Met Ile Ser Lys Trp Cys Lys Lys Asn  
 130 135 140

Gly Leu Glu Thr Lys Ser Gln Tyr His Pro Asn Leu Val Asn Glu Asp  
 145 150 155 160  
 Glu Thr Val Thr Arg Ser Asp Arg Glu Ile Phe Asn Ser Leu Leu Cys  
 165 170 175  
 Lys Val Ser Ser Ser Asn Leu Gln Asp Gln Lys Ser Ala Ala Lys Glu  
 180 185 190  
 Leu Arg Leu Leu Thr Arg Lys Gly Thr Glu Phe Arg Ala Leu Phe Gly  
 195 200 205  
 Glu Ser Pro Asp Glu Ile Thr Arg Leu Val Asn Pro Leu Leu His Gly  
 210 215 220  
 Ser Asn Pro Asp Glu Lys Leu Gln Glu Asp Val Val Thr Thr Leu Leu  
 225 230 235 240  
 Asn Ile Ser Ile His Asp Asp Ser Asn Lys Lys Leu Val Cys Glu Asn  
 245 250 255  
 Pro Asn Val Ile Pro Leu Leu Ile Asp Ala Leu Arg Arg Gly Thr Val  
 260 265 270  
 Ala Thr Arg Ser Asn Ala Ala Ala Ala Ile Phe Thr Leu Ser Ala Leu  
 275 280 285  
 Asp Ser Asn Lys Val Leu Ile Gly Lys Ser Gly Ile Leu Lys Pro Leu  
 290 295 300  
 Ile Asp Leu Leu Glu Glu Gly Asn Pro Leu Ala Ile Lys Asp Val Ala  
 305 310 315 320  
 Ala Ala Ile Phe Thr Leu Cys Ile Ala His Glu Asn Arg Ser Arg Ala  
 325 330 335  
 Val Arg Asp Gly Ala Val Arg Val Leu Gly Lys Lys Ile Ser Asn Gly  
 340 345 350  
 Leu Tyr Val Asp Glu Leu Leu Ala Ile Leu Ala Met Leu Val Thr His  
 355 360 365  
 Trp Lys Ala Val Glu Glu Leu Gly Glu Leu Gly Gly Val Ser Trp Leu  
 370 375 380  
 Leu Lys Ile Thr Arg Glu Ser Glu Cys Lys Arg Asn Lys Glu Asn Ala  
 385 390 395 400  
 Ile Val Ile Leu His Thr Ile Cys Phe Ser Asp Arg Thr Lys Trp Lys  
 405 410 415  
 Glu Ile Lys Glu Glu Glu Asn Ala His Gly Thr Ile Thr Lys Leu Ser  
 420 425 430  
 Arg Glu Gly Thr Ser Arg Ala Gln Arg Lys Ala Asn Gly Ile Leu Asp  
 435 440 445  
 Arg Leu Arg Lys Ala Met Asn Leu Thr His Thr Ala  
 450 455 460

<210> 35  
 <211> 531  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(447)

<400> 35  
 caa aaa gca att cga cca tac gag tca ccg tgg acg aag acc gtg ccg 48  
 Gln Lys Ala Ile Arg Pro Tyr Glu Ser Pro Trp Thr Lys Thr Val Pro  
 1 5 10 15  
 ggc aat agc att ttc ctt tta aag aat gaa gat aaa cca tca tca tca 96  
 Gly Asn Ser Ile Phe Leu Leu Lys Asn Glu Asp Lys Pro Ser Ser Ser  
 20 25 30  
 tca tca tca tta tca tgg tta aca tca gga tca cca aag cca aca tct 144  
 Ser Ser Ser Leu Ser Trp Leu Thr Ser Gly Ser Pro Lys Pro Thr Ser  
 35 40 45  
 ata agc aat aag aga tca agc aac cta gtt gtg atg gag aat gct gtg 192  
 Ile Ser Asn Lys Arg Ser Ser Asn Leu Val Val Met Glu Asn Ala Val  
 50 55 60  
 gtg gtg ttt gca agg aga ggc tgt tgt ttg gga cac gtg gca aaa cgg 240  
 Val Val Phe Ala Arg Arg Gly Cys Cys Leu Gly His Val Ala Lys Arg  
 65 70 75 80  
 ctg cta ctg aca cat ggc gtg aat cca gtg gtg gtt gag att ggt gaa 288  
 Leu Leu Leu Thr His Gly Val Asn Pro Val Val Val Glu Ile Gly Glu  
 85 90 95  
 gaa gac aac aac aac tac gac aat atc gta agt gat aaa gag aaa tta 336  
 Glu Asp Asn Asn Asn Tyr Asp Asn Ile Val Ser Asp Lys Glu Lys Leu  
 100 105 110  
 cct atg atg tac ata gga gga aag ttg ttt gga gga ttg gaa aat ctg 384  
 Pro Met Met Tyr Ile Gly Gly Lys Leu Phe Gly Gly Leu Glu Asn Leu  
 115 120 125  
 atg gct gct cat att aat ggt gat tta gtg cct act ctt aga caa gct 432  
 Met Ala Ala His Ile Asn Gly Asp Leu Val Pro Thr Leu Arg Gln Ala  
 130 135 140  
 ggg gct tta tgg ctt tgatttttaa tctcctaaaa tctagttgcc ttcttattta 487  
 Gly Ala Leu Trp Leu  
 145

tttctatccc tttttacatt atttggttaat atatgtgaac ttgt 531

<210> 36  
 <211> 149  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 36

57

Gln Lys Ala Ile Arg Pro Tyr Glu Ser Pro Trp Thr Lys Thr Val Pro  
 1 5 10 15  
 Gly Asn Ser Ile Phe Leu Leu Lys Asn Glu Asp Lys Pro Ser Ser Ser  
 20 25 30  
 Ser Ser Ser Leu Ser Trp Leu Thr Ser Gly Ser Pro Lys Pro Thr Ser  
 35 40 45  
 Ile Ser Asn Lys Arg Ser Ser Asn Leu Val Val Met Glu Asn Ala Val  
 50 55 60  
 Val Val Phe Ala Arg Arg Gly Cys Cys Leu Gly His Val Ala Lys Arg  
 65 70 75 80  
 Leu Leu Leu Thr His Gly Val Asn Pro Val Val Val Glu Ile Gly Glu  
 85 90 95  
 Glu Asp Asn Asn Asn Tyr Asp Asn Ile Val Ser Asp Lys Glu Lys Leu  
 100 105 110  
 Pro Met Met Tyr Ile Gly Gly Lys Leu Phe Gly Gly Leu Glu Asn Leu  
 115 120 125  
 Met Ala Ala His Ile Asn Gly Asp Leu Val Pro Thr Leu Arg Gln Ala  
 130 135 140  
 Gly Ala Leu Trp Leu  
 145

<210> 37  
 <211> 698  
 <212> ADN  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(378)

<400> 37  
 aga gaa tca gct ttc aga gaa aaa agt ata cct aca gag aga gtt atg 48  
 Arg Glu Ser Ala Phe Arg Glu Lys Ser Ile Pro Thr Glu Arg Val Met  
 1 5 10 15  
 gcg gag agt ggt gga cga agg atc gga gtg gcg gtg gat ttc tcg gac 96  
 Ala Glu Ser Gly Gly Arg Arg Ile Gly Val Ala Val Asp Phe Ser Asp  
 20 25 30  
 tgc agt aag aat gct ctg agc tgg gcg atc gat aac gtg gtt cgc gac 144  
 Cys Ser Lys Asn Ala Leu Ser Trp Ala Ile Asp Asn Val Val Arg Asp  
 35 40 45  
 gga gat cat ctg atc cta atc act att gct cac gat atg aat tac gag 192  
 Gly Asp His Leu Ile Leu Ile Thr Ile Ala His Asp Met Asn Tyr Glu  
 50 55 60  
 gaa ggc gag atg cag ctc tgg gag acc gtt gga tca cct ttt att cct 240  
 Glu Gly Glu Met Gln Leu Trp Glu Thr Val Gly Ser Pro Phe Ile Pro  
 65 70 75 80

atg agt gaa ttc tct gac gct gct gtg atg aaa aag tat gca ttg aag 288  
 Met Ser Glu Phe Ser Asp Ala Ala Val Met Lys Lys Tyr Ala Leu Lys  
                     85                    90                    95  
  
 cca gat gct gaa acc ctt gac att gtc aat act gcc gct agg aag aaa 336  
 Pro Asp Ala Glu Thr Leu Asp Ile Val Asn Thr Ala Ala Arg Lys Lys  
                     100                    105                    110  
  
 acg att aca gta gtg atg aag ata tat tgg ggg aga tcc tcg 378  
 Thr Ile Thr Val Val Met Lys Ile Tyr Trp Gly Arg Ser Ser  
                     115                    120                    125  
  
 tgagaagatt tgtgcagcag ctgaacagat tcctctctca agccttgtga tgggtaacag 438  
 aggccttggt ggtcttaaga ggatgattat gggaagtgtga agcaaccatg ttgtcaacaa 498  
 cgttgcatgc cctgtgaccg ttgtcaaggc tcacatctga gtttgctcgg agaactctaa 558  
 ataacaccac cgtgtattct ataatttgtg tttttgtggt cggaatttct attgttaact 618  
 gttgtgtgac tgggtgttttg ttcatctgtga tggataaaca acactccacc ttctaataaa 678  
 tacagactct ttgattaac 698

<210> 38  
 <211> 126  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 38  
 Arg Glu Ser Ala Phe Arg Glu Lys Ser Ile Pro Thr Glu Arg Val Met  
   1                    5                    10                    15  
  
 Ala Glu Ser Gly Gly Arg Arg Ile Gly Val Ala Val Asp Phe Ser Asp  
                     20                    25                    30  
  
 Cys Ser Lys Asn Ala Leu Ser Trp Ala Ile Asp Asn Val Val Arg Asp  
                     35                    40                    45  
  
 Gly Asp His Leu Ile Leu Ile Thr Ile Ala His Asp Met Asn Tyr Glu  
                     50                    55                    60  
  
 Glu Gly Glu Met Gln Leu Trp Glu Thr Val Gly Ser Pro Phe Ile Pro  
                     65                    70                    75                    80  
  
 Met Ser Glu Phe Ser Asp Ala Ala Val Met Lys Lys Tyr Ala Leu Lys  
                     85                    90                    95  
  
 Pro Asp Ala Glu Thr Leu Asp Ile Val Asn Thr Ala Ala Arg Lys Lys  
                     100                    105                    110  
  
 Thr Ile Thr Val Val Met Lys Ile Tyr Trp Gly Arg Ser Ser  
                     115                    120                    125

<210> 39  
 <211> 1529  
 <212> ADN

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (41)..(1252)

&lt;400&gt; 39

```

gaatcggcgg cgcgcatcc aacctcgccg gcgacggaaa atg gct ttc gcg tct 55
                                         Met Ala Phe Ala Ser
                                         1                               5

cct tcg ctc cgt ctt ctt cct cag tct ccg tta ggt cga ata aca tct 103
Pro Ser Leu Arg Leu Leu Pro Gln Ser Pro Leu Gly Arg Ile Thr Ser
                        10                        15                        20

aaa cta cac cgt ttc agt act gcg aaa ctc tca ctc ttc tcc ttt cac 151
Lys Leu His Arg Phe Ser Thr Ala Lys Leu Ser Leu Phe Ser Phe His
                        25                        30                        35

cat gat tct tca tct tct ttg gct gtc aga act ccg gta tct tcc ttc 199
His Asp Ser Ser Ser Ser Leu Ala Val Arg Thr Pro Val Ser Ser Phe
                        40                        45                        50

gtc gtc ggc gct atc tcc gga aaa tcc tct acc gga acg aaa tcg aaa 247
Val Val Gly Ala Ile Ser Gly Lys Ser Ser Thr Gly Thr Lys Ser Lys
                        55                        60                        65

tcc aaa acc aaa cgg aaa cca cct cct cct ccg cca gtc act act gtg 295
Ser Lys Thr Lys Arg Lys Pro Pro Pro Pro Pro Pro Val Thr Thr Val
                        70                        75                        80                        85

gct gaa gag caa cac att gct gag tca gag aca gtc aac att gcc gaa 343
Ala Glu Glu Gln His Ile Ala Glu Ser Glu Thr Val Asn Ile Ala Glu
                        90                        95                        100

gat gtc act caa ttg att gga agc aca cca atg gtc tat ctc aat aga 391
Asp Val Thr Gln Leu Ile Gly Ser Thr Pro Met Val Tyr Leu Asn Arg
                        105                        110                        115

gtc aca gat ggt tgt ttg gct gac att gct gcc aag ctc gaa tca atg 439
Val Thr Asp Gly Cys Leu Ala Asp Ile Ala Ala Lys Leu Glu Ser Met
                        120                        125                        130

gag ccc tgt aga agc gtc aaa gat agg atc ggt ctg agc atg atc aac 487
Glu Pro Cys Arg Ser Val Lys Asp Arg Ile Gly Leu Ser Met Ile Asn
                        135                        140                        145

gag gca gaa aac agc gga gct ata act ccg agg aag act gta tta gta 535
Glu Ala Glu Asn Ser Gly Ala Ile Thr Pro Arg Lys Thr Val Leu Val
                        150                        155                        160                        165

gaa cca aca acc gga aac act ggc ctt ggg att gca ttt gtg gct gca 583
Glu Pro Thr Thr Gly Asn Thr Gly Leu Gly Ile Ala Phe Val Ala Ala
                        170                        175                        180

gct aaa ggc tac aag ctt ata gtg aca atg cca gct tct atc aat att 631
Ala Lys Gly Tyr Lys Leu Ile Val Thr Met Pro Ala Ser Ile Asn Ile
                        185                        190                        195

gaa agg agg atg ctt tta cgt gca cta gga gca gag att gtg cta acg 679
Glu Arg Arg Met Leu Leu Arg Ala Leu Glv Ala Glu Ile Val Leu Thr

```

200	205	210	
aat cca gag aag ggt ctc aaa gga gca gtg gat	aaa gcc aaa gag att	727	
Asn Pro Glu Lys Gly Leu Lys Gly Ala Val Asp	Lys Ala Lys Glu Ile		
215	225		
gtt ctc aag aca aag aac gca tat atg ttt cag	caa ttc gac aat aca	775	
Val Leu Lys Thr Lys Asn Ala Tyr Met Phe Gln	Gln Phe Asp Asn Thr		
230	235 240 245		
gca aat aca aag atc cac ttt gaa act aca gga cca gaa atc tgg gaa	823		
Ala Asn Thr Lys Ile His Phe Glu Thr Thr Gly Pro Glu Ile Trp Glu			
250	255 260		
gat aca atg ggt aat gtc gat ata ttc gtt gcc gga ata gga act ggt	871		
Asp Thr Met Gly Asn Val Asp Ile Phe Val Ala Gly Ile Gly Thr Gly			
265	270 275		
ggt act gta act ggt act gga ggt ttc ttg aaa atg atg aac aag gat	919		
Gly Thr Val Thr Gly Thr Gly Gly Phe Leu Lys Met Met Asn Lys Asp			
280	285 290		
att aag gta gtt ggc gtt gaa cca tca gaa aga agt gtg att tct gga	967		
Ile Lys Val Val Gly Val Glu Pro Ser Glu Arg Ser Val Ile Ser Gly			
295	300 305		
gac aac cct ggt tac tta ccg gga atc ttg gat gtt aaa tta ctt gat	1015		
Asp Asn Pro Gly Tyr Leu Pro Gly Ile Leu Asp Val Lys Leu Leu Asp			
310	315 320 325		
gaa gtg ttt aag gtt agc aac ggg gaa gcg att gag atg gcg agg aga	1063		
Glu Val Phe Lys Val Ser Asn Gly Glu Ala Ile Glu Met Ala Arg Arg			
330	335 340		
cta gct tta gag gaa gga ttg ctg gtt ggg att tca tct gga gct gct	1111		
Leu Ala Leu Glu Glu Gly Leu Leu Val Gly Ile Ser Ser Gly Ala Ala			
345	350 355		
gca gta gca gca gtc agc ttg gct aaa aga gca gag aat gcc ggt aaa	1159		
Ala Val Ala Ala Val Ser Leu Ala Lys Arg Ala Glu Asn Ala Gly Lys			
360	365 370		
cta atc acg gtt ctg ttt cca agc cat ggc gag cgg tat atc aca acg	1207		
Leu Ile Thr Val Leu Phe Pro Ser His Gly Glu Arg Tyr Ile Thr Thr			
375	380 385		
gct ctg ttt agt tcc atc aac aga gaa gtc caa gag atg aga tat	1252		
Ala Leu Phe Ser Ser Ile Asn Arg Glu Val Gln Glu Met Arg Tyr			
390	395 400		
tagtagcagc cattagaaaa gcccccaaag tttggtcctt ttggagagtg taaacaacaa	1312		
atctcttttgc aatacagaaa agagaggttt cagaagactg tgaggttaga gctcacacga	1372		
gaactgagag ataaacatgt ctcgagccca accagtttta ttcaaagatt tgtgaatgta	1432		
tagaagatca tagaccttgt tgcattattc ttcttcttct cactcatatg tcagggaagt	1492		
atgctgaaca aataaaagtt tgatcatcta aaccctg	1529		

61

&lt;210&gt; 40

&lt;211&gt; 404

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 40

Met Ala Phe Ala Ser Pro Ser Leu Arg Leu Leu Pro Gln Ser Pro Leu  
 1 5 10 15

Gly Arg Ile Thr Ser Lys Leu His Arg Phe Ser Thr Ala Lys Leu Ser  
 20 25 30

Leu Phe Ser Phe His His Asp Ser Ser Ser Ser Leu Ala Val Arg Thr  
 35 40 45

Pro Val Ser Ser Phe Val Val Gly Ala Ile Ser Gly Lys Ser Ser Thr  
 50 55 60

Gly Thr Lys Ser Lys Ser Lys Thr Lys Arg Lys Pro Pro Pro Pro Pro  
 65 70 75 80

Pro Val Thr Thr Val Ala Glu Glu Gln His Ile Ala Glu Ser Glu Thr  
 85 90 95

Val Asn Ile Ala Glu Asp Val Thr Gln Leu Ile Gly Ser Thr Pro Met  
 100 105 110

Val Tyr Leu Asn Arg Val Thr Asp Gly Cys Leu Ala Asp Ile Ala Ala  
 115 120 125

Lys Leu Glu Ser Met Glu Pro Cys Arg Ser Val Lys Asp Arg Ile Gly  
 130 135 140

Leu Ser Met Ile Asn Glu Ala Glu Asn Ser Gly Ala Ile Thr Pro Arg  
 145 150 155 160

Lys Thr Val Leu Val Glu Pro Thr Thr Gly Asn Thr Gly Leu Gly Ile  
 165 170 175

Ala Phe Val Ala Ala Ala Lys Gly Tyr Lys Leu Ile Val Thr Met Pro  
 180 185 190

Ala Ser Ile Asn Ile Glu Arg Arg Met Leu Leu Arg Ala Leu Gly Ala  
 195 200 205

Glu Ile Val Leu Thr Asn Pro Glu Lys Gly Leu Lys Gly Ala Val Asp  
 210 215 220

Lys Ala Lys Glu Ile Val Leu Lys Thr Lys Asn Ala Tyr Met Phe Gln  
 225 230 235 240

Gln Phe Asp Asn Thr Ala Asn Thr Lys Ile His Phe Glu Thr Thr Gly  
 245 250 255

Pro Glu Ile Trp Glu Asp Thr Met Gly Asn Val Asp Ile Phe Val Ala  
 260 265 270

Gly Ile Gly Thr Gly Gly Thr Val Thr Gly Thr Gly Gly Phe Leu Lys  
 275 280 285

Met Met Asn Lys Asp Ile Lys Val Val Glu Val Glu Pro Ser Glu Arg



290                      295                      300  
 Ser Val Ile Ser Gly Asp Asn Pro Gly Tyr Leu Pro Gly Ile Leu Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Val Lys Leu Leu Asp Glu Val Phe Lys Val Ser Asn Gly Glu Ala Ile  
                     325                      330                      335  
 Glu Met Ala Arg Arg Leu Ala Leu Glu Glu Gly Leu Leu Val Gly Ile  
                     340                      345                      350  
 Ser Ser Gly Ala Ala Ala Val Ala Ala Val Ser Leu Ala Lys Arg Ala  
                     355                      360                      365  
 Glu Asn Ala Gly Lys Leu Ile Thr Val Leu Phe Pro Ser His Gly Glu  
                     370                      375                      380  
 Arg Tyr Ile Thr Thr Ala Leu Phe Ser Ser Ile Asn Arg Glu Val Gln  
 385                      390                      395                      400  
 Glu Met Arg Tyr

<210> 41  
 <211> 540  
 <212> ADN  
 <213> Nicotiana benthamiana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(540)

<400> 41  
 ctt gct cat tct tgg ttt gcc ttg tct ctc tca cat aca atc aat cac 48  
 Leu Ala His Ser Trp Phe Ala Leu Ser Leu Ser His Thr Ile Asn His  
   1                    5                    10                    15  
 agc ttc aca cta caa aaa gca att gag aaa ctg ccg att tca agt cca 96  
 Ser Phe Thr Leu Gln Lys Ala Ile Glu Lys Leu Pro Ile Ser Ser Pro  
                     20                    25                    30  
 ggt ctt ttc agg ggt tct ttt ggt ttg gaa cct ata cag aga ata tgc 144  
 Gly Leu Phe Arg Gly Ser Phe Gly Leu Glu Pro Ile Gln Arg Ile Cys  
                     35                    40                    45  
 att gct cct aag aga tta tct ttt tct gag agt aca att gtt ccg aaa 192  
 Ile Ala Pro Lys Arg Leu Ser Phe Ser Glu Ser Thr Ile Val Pro Lys  
                     50                    55                    60  
 gca tcc tca gct gca gct gtt gag gat gga agt tcc caa gag act gca 240  
 Ala Ser Ser Ala Ala Ala Val Glu Asp Gly Ser Ser Gln Glu Thr Ala  
   65                    70                    75                    80  
 gtc ccg atg cca aaa gtc ata ata gat ctg gat tcg aac cct gat gca 288  
 Val Pro Met Pro Lys Val Ile Ile Asp Leu Asp Ser Asn Pro Asp Ala  
                     85                    90                    95  
 act gta gta gag gtt acc ttt ggt gat cgc ctc ggg gct ctt gtt gac 336  
 Thr Val Val Glu Val Thr Phe Glv Aso Arg Leu Glv Ala Leu Val Aso

100	105	110	
acg atg agt gca tta aaa aat ctg gga ctg aat gtt gtc aaa gct aat			384
Thr Met Ser Ala Leu Lys Asn Leu Gly Leu Asn Val Val Lys Ala Asn			
115	120	125	
gtc tgt cta gat tca tca ggg aaa cat act aca tta tgc atc aca aat			432
Val Cys Leu Asp Ser Ser Gly Lys His Thr Thr Leu Cys Ile Thr Asn			
130	135	140	
gct tct act ggt agg aag gtc gat gat cca gcg cag cta gaa gca att			480
Ala Ser Thr Gly Arg Lys Val Asp Asp Pro Ala Gln Leu Glu Ala Ile			
145	150	155	160
cgt ttg aca att atc aac aat atg att gag ttc cat ccg gaa tct agc			528
Arg Leu Thr Ile Ile Asn Asn Met Ile Glu Phe His Pro Glu Ser Ser			
165	170	175	
gcc cag tta gct			540
Ala Gln Leu Ala			
180			

<210> 42  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> Nicotiana benthamiana

<400> 42  
 Leu Ala His Ser Trp Phe Ala Leu Ser Leu Ser His Thr Ile Asn His  
 1 5 10 15  
 Ser Phe Thr Leu Gln Lys Ala Ile Glu Lys Leu Pro Ile Ser Ser Pro  
 20 25 30  
 Gly Leu Phe Arg Gly Ser Phe Gly Leu Glu Pro Ile Gln Arg Ile Cys  
 35 40 45  
 Ile Ala Pro Lys Arg Leu Ser Phe Ser Glu Ser Thr Ile Val Pro Lys  
 50 55 60  
 Ala Ser Ser Ala Ala Ala Val Glu Asp Gly Ser Ser Gln Glu Thr Ala  
 65 70 75 80  
 Val Pro Met Pro Lys Val Ile Ile Asp Leu Asp Ser Asn Pro Asp Ala  
 85 90 95  
 Thr Val Val Glu Val Thr Phe Gly Asp Arg Leu Gly Ala Leu Val Asp  
 100 105 110  
 Thr Met Ser Ala Leu Lys Asn Leu Gly Leu Asn Val Val Lys Ala Asn  
 115 120 125  
 Val Cys Leu Asp Ser Ser Gly Lys His Thr Thr Leu Cys Ile Thr Asn  
 130 135 140  
 Ala Ser Thr Gly Arg Lys Val Asp Asp Pro Ala Gln Leu Glu Ala Ile  
 145 150 155 160

64

Arg Leu Thr Ile Ile Asn Asn Met Ile Glu Phe His Pro Glu Ser Ser  
 165 170 175

Ala Gln Leu Ala  
 180

<210> 43  
 <211> 424  
 <212> ADN  
 <213> Nicotiana benthamiana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(294)

<400> 43  
 tct cta cca agt tct tcc tca ttc ctt ggc aac tta gcc acc acc ata 48  
 Ser Leu Pro Ser Ser Ser Ser Phe Leu Gly Asn Leu Ala Thr Thr Ile  
 1 5 10 15  
 ttc aac cca cct ccg gcg acc act cgg ata aag att gtg atg gtt aaa 96  
 Phe Asn Pro Pro Pro Ala Thr Thr Arg Ile Lys Ile Val Met Val Lys  
 20 25 30  
 gcc tct aag atc gag aag att gag ata aac aga aag gaa gag aat ggc 144  
 Ala Ser Lys Ile Glu Lys Ile Glu Ile Asn Arg Lys Glu Glu Asn Gly  
 35 40 45  
 agt ggc agg aga gaa ttg gct tct gcg ttg cta gct tct gct gct tgc 192  
 Ser Gly Arg Arg Glu Leu Ala Ser Ala Leu Leu Ala Ser Ala Ala Cys  
 50 55 60  
 tgc aag ttc att tgc aag aat tgc cat gac aga gga gcc gaa gcg cgg 240  
 Cys Lys Phe Ile Cys Lys Asn Cys His Asp Arg Gly Ala Glu Ala Arg  
 65 70 75 80  
 tac acc aga ggc aaa gaa gaa gta tgc ccc aat ttg tgt cac aat gcc 288  
 Tyr Thr Arg Gly Lys Glu Glu Val Cys Pro Asn Leu Cys His Asn Ala  
 85 90 95  
 cac agc tagaatatgc cacaagtaag aattttcatg ctatgatgta tgcagaactt 344  
 His Ser  
 agcagtacaa ataataataa gagtgactat ttcactattg cttcaatcat ctaaattgtga 404  
 aatttccaat tccaagggttc 424

<210> 44  
 <211> 98  
 <212> PRT  
 <213> Nicotiana benthamiana

<400> 44  
 Ser Leu Pro Ser Ser Ser Ser Phe Leu Gly Asn Leu Ala Thr Thr Ile  
 1 5 10 15  
 Phe Asn Pro Pro Pro Ala Thr Thr Arg Ile Lys Ile Val Met Val Lys

2806095

65

[illegible]

voir FEUILLE(S) SUPPLÉMENTAIRE(S)

FA 590297  
FR 0003140

3  
 PO FORM 1503 12.99 (P04C35)



# **RAPPORT DE RECHERCHE PRÉLIMINAIRE PARTIEL**

établi sur la base des dernières revendications  
déposées avant le commencement de la recherche

voir FEUILLE(S) SUPPLÉMENTAIRE(S)

2806095

N° d'enregistrement  
national

FA 590297

FR 0003140

DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS		Revendications concernées	Classement attribué à l'invention par l'INPI
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes		
X	COLASANTI ET AL: "The indeterminate gene encodes a zinc finger protein and regulates a leaf-generated signal required for the transition to flowering in maize" CELL,US,CELL PRESS, CAMBRIDGE, NA, vol. 93, no. 4, 15 mai 1998 (1998-05-15), pages 593-603, XP002116412 ISSN: 0092-8674 * le document en entier * & DATABASE EMPLN 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC/ID AF058757, 2 juin 1998 (1998-06-02) * abrégé *	1-3, 6-11, 15-17	
X	DATABASE EMPLN 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC AC004136, 16 février 1998 (1998-02-16) LIN X ET AL.: "Sequence and analysis of chromosome 2 of the plant Arabidopsis thaliana" XP002156980 voir nucléotides 45450-45850 * abrégé *	1,4-10	DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHÉS (Int.CL.7)
X	DATABASE TREMBL 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC o64720, 1 août 1998 (1998-08-01) ROUNSLEY S D ET EL.: "Putative TBP-binding protein" XP002156981 * abrégé *	17	
--- -/--			
Date d'achèvement de la recherche		Examineur	
11 janvier 2001		Oderwald, H	
<p><b>CATÉGORIE DES DOCUMENTS CITES</b></p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons &amp; : membre de la même famille, document correspondant</p>			

3

EPO FORM 1503 12.99 (P4/C35)



**RAPPORT DE RECHERCHE  
PRÉLIMINAIRE PARTIEL**

établi sur la base des dernières revendications  
déposées avant le commencement de la recherche

voir FEUILLE(S) SUPPLÉMENTAIRE(S)

2806095

N° d'enregistrement  
national

FA 590297

FR 0003140

DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS		Revendications concernées	Classement attribué à l'invention par l'INPI
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes		
X	DATABASE EMPLN 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC AF087413, 23 septembre 1998 (1998-09-23) KWOK S F ET AL.: "Arabidopsis homologs of a c-Jun coactivator are present in both monomeric form and in the COP9 complex..." XP002156982 * abrégé *	1,4-10, 17	DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHÉS (Int.CL.7)
X	WO 99 24574 A (DU PONT ;ALLEN STEPHEN M (US); HITZ WILLIAM D (US); MIAO GUO HUA ( ) 20 mai 1999 (1999-05-20) voir SEQ ID NO: 28 (p. 21 à 22) * abrégé; revendications 10-20; figure 3; exemples 5-8; tableaux 1,8 * * page 5 - page 14 *	1,4-17	
X	DATABASE EMPLN 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC AC013482, 15 novembre 1999 (1999-11-15) SHINN P ET AL.: "Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC T26F17 from chromosome I" XP002156983 voir nucléotides 50770 à 51660 * abrégé *	1,4-10	
X	DATABASE TREMBL 'en ligne! EMBL Heidelberg, Germany; AC O82174, 1 novembre 1998 (1998-11-01) ROUNSLY S D ET AL.: "Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T4C15 genomic sequence" XP002156984 * abrégé *	17	
Date d'achèvement de la recherche		Examineur	
11 janvier 2001		Oderwald, H	
<p><b>CATÉGORIE DES DOCUMENTS CITES</b></p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons &amp; : membre de la même famille, document correspondant</p>			

3

EPO FORM 1503 12.99 (P4/C35)

**ABSENCE D'UNITÉ D'INVENTION  
FEUILLE SUPPLÉMENTAIRE B**

Numéro de la demande

FA 590297  
FR 0003140

La division de la recherche estime que la présente demande de brevet ne satisfait pas à l'exigence relative à l'unité d'invention et concerne plusieurs inventions ou pluralités d'inventions, à savoir :

1. revendications: 1-17 (toutes partiellement)

Une séquence polynucléotidique de plante ou de levure codant pour une protéine qui interagit avec l'un au moins des six produits du génome d'un gémiovirus nécessaire à l'infection d'une plante, notamment C2 (SEQ IDs 3 à 12). Vecteur, hôte, plante ou cellule de plante ou protéine constituant ou contenant ces séquences.

2. revendications: 1-17 (toutes partiellement)

comme pour l'invention 1 mais concernant C3 (SEQ IDs 13 à 22).

3. revendications: 1-17 (toutes partiellement)

comme pour l'invention 1 mais concernant C4 (SEQ IDs 23 à 26).

4. revendications: 1-3, 6-17 (toutes partiellement)

comme pour l'invention 1 mais concernant CP (SEQ IDs 27 à 30).

5. revendications: 1-17 (toutes partiellement)

comme pour l'invention 1 mais concernant V2 (SEQ IDs 31 à 44).

6. revendications: 1, 4-17 (toutes partiellement)

comme pour l'invention 1 mais concernant Rep (SEQ IDs 1 et 2).

La première invention a été recherchée.

\*\*\*\*\* ----- \*\*\*\*\*

Des protéines qui interagissent avec un des produits du génome d'un gémiovirus nécessaire à l'infection d'une plante ont déjà été décrites dans l'art antérieur. Voir par exemple: W098/56811, W099/63054, J.Exp.Bot. 50:731-732(1999), W096/08573 et W099/24574.

Au vue de l'art antérieur, le problème que se propose de résoudre la demande peut être défini comme la mise à disposition des protéines alternatifs qui interagissent avec une protéine d'un gémiovirus nécessaire à l'infection d'une plante.

Les solutions proposées dans la demande sont:

- 1.) des protéines qui interagissent avec la protéine C2



**ABSENCE D'UNITÉ D'INVENTION  
FEUILLE SUPPLÉMENTAIRE B**

Numéro de la demande

FA 590297  
FR 0003140

La division de la recherche estime que la présente demande de brevet ne satisfait pas à l'exigence relative à l'unité d'invention et concerne plusieurs inventions ou pluralités d'inventions, à savoir :

- 2.) des protéines qui interagissent avec la protéine C3
- 3.) des protéines qui interagissent avec la protéine C4
- 4.) des protéines qui interagissent avec la protéine CP
- 5.) des protéines qui interagissent avec la protéine V2
- 6.) des protéines qui interagissent avec la protéine Rep

Du fait que les protéines qui interagissent avec un des produits du génome d'un gémivirus nécessaire à l'infection d'une plante étaient déjà connues de l'art antérieur, du fait de la différence essentielle de structure primaire des protéines et de leurs acides nucléiques correspondants, et du fait qu'aucune autre des caractéristiques techniques proposées dans la présente demande ne peuvent être considérées comme les caractéristiques techniques particulières reliant les différentes inventions, il n'y pas de concept inventif commun entre les différentes inventions revendiquées, et une objection de non-unité d'inventions a posteriori doit être soulevée.

**New polynucleotides for producing transgenic plants resistant to geminivirus infection comprising polynucleotides encoding proteins which interact with at least one of the products of the geminivirus genome**

Patent Number: FR2806095

Publication date: 2001-09-14

Inventor(s): COLINET DOMINIQUE;; DONOSO CUENCA IMMACULDA;; GREVESSE CATHY;; BEJARANO EDUARDO R;; CASTILLO GARRIGA ARACELI;; HERICOURT FRANCOIS;; INIESTA JOSE REINA

Applicant(s): GENTECH (FR)

Requested Patent: ☐ FR2806095

Application Number: FR20000003140 20000310

Priority Number (s): FR20000003140 20000310

IPC Classification: C12N15/29; C12N15/63; C12N5/04; C12N5/10; A01H5/00; C07K14/415; C07K14/39

EC Classification: C12N15/82C8B6C, C07K14/39, C07K14/415

Equivalents: AU3937101, ☐ WO0168863

---

**Abstract**

---

A polynucleotide (N1) purified from a plant or yeast, encoding a protein (P1) which interacts with at least one of the six products of the geminivirus genome necessary for infection of a plant by the virus, is new. Independent claims are also included for the following: (1) a recombinant nucleic acid molecule comprising (N1); (2) a cloning vector comprising (N1); (3) a host cell transformed with (N1) or the vector; (4) a genetically modified plant resistant to geminivirus having stably in its genome a modified nucleic acid comprising (N1), and is: (i) modified to express a protein which blocks expression proteins encoded by the geminivirus genome; or (ii) modified to express a modified (P1) which compared to the native modifies or removes interactions with the viral proteins; (5) preparing a transgenic plant resistant to geminivirus, comprising transforming a plant cell with the above nucleic acid and regenerating a transformed plant; (6) a plant cell whose genome stably incorporates (N1); and (7) a protein susceptible to interaction with at least one of the geminivirus proteins, comprising one of the amino acid sequences fully defined in the specification or a fragment having a substantially similar sequence.

---

Data supplied from the esp@cenet database - I2